

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
	530
124	531
	532
	533
125	534
	535
	536
126	537
	538
	539
127	540
	541
	542
128	543
	544
	545
129	546
	547
	548
130	549
	550
130	551
131	552
	553
	554
132	555
	556
	557
133	558
	559
	560
134	561
	562
	563
135	564
	565
	566
136	567
	568
	569
137	570
	571
	572
138	573
	574
	575
139	576
	577
	578
	579
	580
	581

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
140	582
	583
	584
142	588
	589
	590
143	591
	592
	593
144	594
	595
	596
597	618
	619
598	620
	621
599	622
	623
600	624
	625
601	626
	627
602	628
	629
603	630
	631
604	632
	633
605	634
	635
606	636
	637
607	638
	639
608	640
	641
609	642
	643
610	644
	645
611	646
	647
612	648
	649
613	650
	651
614	652
	653
615	654
	655
616	656

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
	657
617	658
	659

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 der  
ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No  
5 158-596, 618-659 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

**Sequenzprotokoll****(1) ALLGEMEINE INFORMATION:**

## 5 (i) ANMELDER:

(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH

(B) STRASSE: Ihnestrasse 63

(C) STADT: Berlin

(E) LAND: Deutschland

10 (F) POST CODE (ZIP): D-14195

(G) TELEFON: (030)-8413 1673

(H) TELEFAX: (030)-8413 1674

15

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus  
Pankreastumorgewebe

20

(iii) Anzahl der Sequenzen: 633

## (iv) COMPUTER READABLE FORM:

(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk

(B) COMPUTER: IBM PC compatible

(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

25 (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:**

## 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1202 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```
cttcacgat agctaccgct gcttccaacc aaagcaggag ggggccttca cctgctggtc 60
agcagtcact ggcgcccgcc atctcaacta tggotcccgg cttgactata ccctggggga 120
```



caggaccctg gtcatagaca cctttcaggc ctctttcctg ctgcctgagg tgatgggctc 180  
 tgaccactgc cctgtgggtg cagtcttgag tgtgtcctct gtgcctgcaa aacagtgcc 240  
 acctctgtgc acccgcttcc tccctgagtt tgaggcacc cagctcaaga tccttcgctt 300  
 cctagtctct ctcaacaaa gtcctgtgtt ggagcagtcg acgctgcagc acaacaatca 360  
 5 aaccgggta cagacatgcc aaaacaaagc ccaagtgcgc tcaaccaggc ctcccccag 420  
 tcaggttggc tctagcagag gccagaaaaa cctgaagagc tactttcagc cctcccctag 480  
 ctgtcccca gctctcctg acatagagct gcctagccta ccactgatga ggcgcctcat 540  
 gacccgaag actccagaag agaaggcagt ggccaaagt gtgaagggg aggccaagac 600  
 ttcaagaagc aaagatgaga aggagttacg gacctattc tggaagtctg tgctggcggg 660  
 10 gcccttgcc acaccctct gtgggggcca caggagcca tgtgtgatgc gtactgtgaa 720  
 gaagccagga cccaacttg gccgcgctt ctacatgtgt gccaggcccc ggggtcctcc 780  
 cactgacccc tctcccggt gcaattctt ctctggagca ggcccagctg aaccaatgga 840  
 ggcctgggga catctggcat ggtcaccct gcacatgatc tgaggccagc tccccctccc 900  
 tgagctgct cctgtcttc cctcaaagtc tctaccctt ctcttctct ttaagccct 960  
 15 ctcttctctg cttctcttc tactagctc cttgttggt agcttctgt gccttaatcc1020  
 tgtgacccag ccccttacac cactttccac cttctgtcc gaagtacacg gacactagct1080  
 gccccaggaa gttgtgtgat tttaaatcac ttctgtctt gctggaaagt gtatttgtgc1140  
 ataaataaag tctgtgtatt tgtttcaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaagga ggtttgaagg1200  
 gg 1202

20

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1072 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

40

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

45 cctccatcag ctccgcgcgc agcggctgta tttgcggcct gtgcgagtag gcgcttgggc 60  
 actcagtcct cctggcgagc gacgggcaga aatctcgaac cagtggagcg cactcgtaac 120  
 ctggatccca gaaggtcgcg aaggcagtag cgtttcctca gcggcggact gctgcagtaa 180  
 gaatgtcttt tccacctcat ttgaatcgcc ctcccatggg aatcccagca ctcccaccag 240  
 ggatcccacc cccgcagttt ccaggatttc ctccacctgt acctccaggg accccaatga 300  
 50 ttctgttacc aatgagcatt atggctcctg ctccaactgt cttagtaccc actgtgtcta 360  
 ttggtggaaa gcatttgggc gcaagaaaag atcatccagg cttaaaggct aaagaaaatg 420  
 atgaaaattg tggctctact accactgttt ttggtggcaa catttccgag aaagcttcag 480  
 acatgcttat aagacaactc ttagctaaat gtggtttggt tttgagctgg aagagagtac 540  
 aaggtgcttc cgaaagctt caagccttcg gattctgtga gtacaaggag ccagaatcta 600  
 55 ccctccgtgc actcagatta ttacatgacc tgcaaattgg agagaaaaag ctactcgtaa 660  
 aagttgatgc aaagacaaag gcacagctgg atgaatggaa agcaagaag aaagcttcta 720  
 atgggaatgc aaggccagaa actgtcacta atgacgatga agaagccttg gatgaagaaa 780

caaagaggag agatcagatg attaaagggg ctattgaagt ttttaattcgt gaataactcca 840  
 gtgagctaaa tgccccctca caggaatctg attctcacc ccaggaagaa gaagaaggaa 900  
 aagaaggagg acatttttccg cagatttcca gtggcccccac tgatccctta tccactcatc 960  
 actaaggagg atataaatgc tataaaaatg gaagaagaca aaagagacct gatattctcga1020  
 5 gagatcagca aattcagaga cacacataag aaactggaag aagagaaagg ca 1072

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 1468 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

30 gcacgaggta ttatgctgtc gtatggctcc actgcagaaa gcaaaagtaa taagactaat 60  
 aaaaatatca cctgagaaac ctataacatt ggctgttggt gatggtgcta atgacgtaag 120  
 catgatacag gaggcccatg ttggcatagg aatcatgggt aaagaaggaa gacaggctgc 180  
 aagaaacagt gactatgcaa tagccagatt taagtctctc tccaaattgc tttttgttca 240  
 35 tggctatctt tattatatta gaatagctac cctgttacag tatttttttt ataagaatgt 300  
 gtgctttatc acaccccatg ttttatatca gttctactgt ttgtttttctc agcaaacatt 360  
 gtatgacagc gtgtacctga ctttatataa tatttggttt acttccctac ctattctgat 420  
 atatagtctt ttggaacagc atgtagacc tcattgtgta caaaataagc ccacccttta 480  
 tcgagacatt agtaaaaacc gcctcttaag tattaaaaa tttctttatt ggaccatcct 540  
 40 gggcttcagt catgccttta tttcttttt ttggtcctat ttactaatag ggaaagatac 600  
 atctctgctt ggaaatggcc agatgtttgg aaactggaca ttggtgcaatt tggctcttcac 660  
 agtcatgggt attacagtca caataaagat ggctctggaa actcattttt ggacttggat 720  
 caaccatctc gttacctggg gatctattat attttatttt gtattttcct tgttttatgg 780  
 agggattctc tggccatttt tgggtctcca gaatatgtat tttgtgttta ttcagctcct 840  
 45 gtcaagtggg tctgcttggt ttgccataat cctcatgggt gttacatgtc tattcttga 900  
 tatcataaag aaggctcttg accgacacct ccacctaca agtaactgaa aggacagat 960  
 gtactccaac acagttgctt taagtgcaga gttcatcgca ctgcagccat tgtcgagggc1020  
 aaggaaatcag ctgagcaaac ttagcttact gaaacaaatg caggatcaaa gtgcttggac1080  
 tccatgtgct gtttcccgga aggagaagca gcgtgtgcat ctggttgaag aatgctgga1140  
 50 cgagttatag gaagatgtag tccaaccac atcagcaggt gtgaaatctc tctaagtagc1200  
 ctttgcgca gatgagtac ctatctggaa caggatgaac ctgccgctct agataccta1260  
 taaatcagca gctgggtttt ccaactgaag caggaaagtct gctattttatt agcactctt1320  
 ggtggtagat ttcactttgt ggctttgggg taagggtctt ttcactcaca aaggaagaga1380  
 aagcaccttt gaagagactt catctaata acaaaaaatt ttgtttcata atcttttcta1440  
 55 aatgggctca gtaggagtgg gtgtatgg 1468

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2331 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

```
25  cggctcgaga aaggacctct ccccttttcag atgcctggca tgaggcttcc agaaacccag 60
    gttcttccag gagaaataga tgagactcct ctttccaagc caggacatga ccttgccagc 120
    atggaggata aaacagagaa atggtcttcc cagcctgaag gtccacttaa attgaaagct 180
    tcaagtactg atatgccatc ccagatttct gtggttaatg tggatcaact gtgggaagat 240
    tctgtcctaa ctgtcaaatt ccccaaatta atggtaccaa ggttctcctt ccttgccccc 300
    agctcagagg atgatgtgtt catcccact gtgagggaag tgcagtgtcc agaggccaat 360
30  attgatacag ccctttgtaa ggaaagtccg gggctctggg gagccagcat cctgaaggca 420
    ggtgctgggg tccctgggga gcagcctgtg gaccttaacc tgcctttgga agctccccc 480
    atttcaaagg tcagagtga tttcagggt gctcagggtg aaagtcaaga ggtcactata 540
    cacagcatag tgacaccaga gttttagat ctctcagtac ccaggacttt ttccactcag 600
    attgtgcggg aatcagagat ccccacgtca gagattcaaa caccttcgta cggattttcc 660
35  ttattaaaag tgaaaatccc agagccccc acgcaggcta gagtgtacac aacaatgact 720
    caacactcta ggactcagga gggcacagaa gaggctccca tacaagccac cccaggagta 780
    gactccattt ctggagatct ccagcctgac actggagaac catttgagat gatctcttcc 840
    agcgtcaatg tactgggaca gcaaacactc acatttgaag ttcttcttgg ccaccagctt 900
    gcagacagct gttcagatga ggagccagca gaaattcttg agtttcccc tgatgatagc 960
40  caagaggcaa ccacaccact ggcagatgaa ggcagggtct caaaagacaa accagaaagt1020
    aaaaaatctg gtctgctctg gttttggctt ccaaacattg ggttttcctc ttctgttgat1080
    gagacagggt ttgattccaa aaatgacgtc cagagatctg ctccattca aacacagcct1140
    gaggcacgac cagaggcaga actgcctaaa aaacaggaga aggcaggctg gttccgattt1200
    cccaaattag ggttctcctc atctcctacc aagaaaagca aaagcaccga agatggggca1260
45  gagctggaag aacaaaaact tcaagaagaa acaatcacgt tttttgatgc ccgagaaagt1320
    ttctcccctg aagagaagga agagggtgaa ctgacggggc ctgtgggcac tgggtggac1380
    tccagagtga tggtgacatc cgcggcaaga acagagttaa tcctgcccga gcaggacaga1440
    aaagtgcagc atgaaagcaa aggtcaggc ctgggaccaa atgaaggctg agaggatagg1500
    ctcatcagta caagagagat gcaaaaaact aagttggaaa gtaaggcta cacacacata1560
50  tggagcacc ccatccacag cacattacat ccacctcact tcacagaacg gagaacagag1620
    cagaaatgac cagaacacct ttgtcaccat cacacagccc tcctaaaatg gaaccaaagc1680
    ttcccagctc cctcaaagct ttggatgcaa agaaggcacc ctgacttcca caagacacca1740
    gaattcacac ggtactcaga ggcactgctg gggaaagttt ttggtcttta ttagataaat1800
    ttccagagac ctgtccataa taccacaacag aacatgactg tttcttttag gaaagggtta1860
55  taatgtctgt ggtgtacaag tctgttttgg tataacttct ttctgtgtgc tctgtcttcc1920
    cggcaaacat agttttccta tttcaggcag agtgcggtat attccaggaa acactgtttc1980
    ctactcactt agcttacttc tttgttgaat gcctcactaa tggcaagttt caagatgttt2040
    tgggtgacaa tgcacacatg ctgggcaaaa ggggtgatggc cagtggctgg cagctgggcc2100
```

agcagaagct aggacatctg tgagttgtca ttctcatcta tccatgtcca ctggcctgcc2160  
 agcatccgcc agtgccttgc cagtgtgcac ggtcccacac tgtggcccct gagtccccta2220  
 atgtacacgc tgcagccaga atgcagatgg agctggcttg gctgttccct ggatgggcaa2280  
 taaagaaagt gctgcatccc aaaaaaaaaa aaaaagtaaa aaaaaaaagg g 2331

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1925 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

25

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:5

30 aataaaaaaaaa attgtattta cttagaagca ttcagaatgt caacaaaaca gccgcaattt 60  
 ttttttttga attacagagt ggtattcagt taacagaaca acaattatct tcgtataagc 120  
 tgcattcagag acaactgaag atgaaaaaaaa taaaacccaa aaagaaaacc aaaagaaaaa 180  
 aaaaaaaaaa acaaaaaaca aaactaccat ccccatatat aactaatttg tgctgtgcac 240  
 caacaagaac ctgctttaa tttccatgcc aatttacaac ccccatactg taccaggcaa 300  
 35 ggtagtggtc tattgaaaat accaccagga cagggtatc taaagacaca ttcggtagt 360  
 tgtaactat acaaaaaaag aactgtgaca gtttaaaaac aaatcttaca cagccttaca 420  
 tttcaatttt tttctttaa aggagtgaag tgtgtacagg ggggttaaat gctttataga 480  
 caagaaaaaa aaaactgogc tagaaccac ttattcatca tcatcatctt cttcttcac 540  
 ttcattctt tcatcttct cctcctctc atcctcttca tcttctcat cttcctctc 600  
 40 ttccttctt tcttctgctt tttcagcctt gacaactccc ttttttgctg catcaggctt 660  
 tcctttagct cgatatgcag caatattcctt ttctgtattt tcttctactt cgcagccttc 720  
 ttttcataag gctgcttgct atctgcagca gtgttattcc acatctctcc cagtttcttc 780  
 gcaacatcac caatggacag gccaggatgt tctcctttga tttttgggag atactcagag 840  
 cagaagagga agaaggccga aggaggcctc ttgggtgcat tggggtcctt gaacttcttt 900  
 45 tttgtctccc ctttgggagg gatataggtt ttcatttctc tttcataacg ggccttgctc 960  
 gcttttgcca tatcttcaaa ttttcttctc tctttagcag acatgggtct ccacctctct1020  
 gagcacttct tagaaaactc tgagaagtgt actgaagcat ctgggtgctt cttcttatgc1080  
 tcctcccagc aagtttgac aaaaaatgca tatgatgaca ttttgctct cggcttctta1140  
 ggatctcctt tgcccatggt tagttatttt tctaaaaaat aaaataaata tttgatgtta1200  
 50 gcaataaaat tatgacatat aagaccttaa agtacttagt aagggaatga aaaccaagt1260  
 actggttatt taacacagta gcgacatcaa cctccgtaaa atcagacaag aatatggccg1320  
 agagattaaa ttccttgaag gggctatgcc aagcaacaa acaaaaaaa aaacagtcct1380  
 tcagggcgat ctcaaaaagt ctgacacaaa agatataccc atacagtatt ccctatctat1440  
 ccgcccaggt ctgctctgaa tgagtatcta actggtcact taaacgattt taaaatctag1500  
 55 aacaccattt taaaccaacc aaaccaaaag tcagaaaaca tgctgccaat tcgtggcttt1560  
 gcactagata gggaataaac aagggcctaa gcgagtcgac tcttctaat tatgggacct1620  
 taaaaaaaaa aatcaccgtg caccgaaagt ttcaaaaaac accctctttg cataaaactt1680

5

## 10

- 15

20

25

30

50

## 55

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 424 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

5 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

gaatgccctt tgggggccag gggcccctgg gagccccgcc accctttccc acttggccgg 60  
 ggtgcccgca gcgcgccccc ctgcacgcat ggcaggctgg cccccccca gagccctccc120  
 25 cacagccagc agcctttcca cagtcaactgc ccttcccgca gtccccagcc ttccctacgg180  
 cctcaccgc accccctcag agcccagggc tgcaaccctt cattatccac cagcacaga240  
 tggtagagct ggggctgaac aaccacatgt ggaaccagag aggggtcccag gcgcccagg300  
 acaagacgca ggaggcagaa tgaccgcttg tccttgcttg accagctggg gaacaaccct360  
 30 ggaccgaggg atcggccagg acccatagag cacccggttt ttccctgtgc ctttttgaa420  
 attg 424

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35 (A) LÄNGE: 1020 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:8

```

5  caagtaaatg cagcactagt ggggtgggatt gaggtctatgc cctgggtgcat aaatagagac 60
   tcagctgtgc tggcacactc agcggctctg gaccgcatcc tagccgccga ctacacacaag 120
   gcagggtggg gaggaaatcc agagtggcca tggagaaaat tccagtgtca gcattcttgc 180
   tccttgtggc cctctcctac actctggcca gagataccac agtcaaacct ggagccaaaa 240
   aggacacaaa ggactctcga cccaaactgc cccagaccct ctccagagggt tggggtgacc 300
   aactcatctg gactcagaca tatgaagaag ctctatataa atccaagaca agcaacaaac 360
   ccttgatgat tattcatcac ttggatgagt gccacacag tcaagcttta aagaaagtgt 420
10  ttgctgaaaa taaagaaatc cagaaattgg cagagcagtt tgtcctcctc aatctggttt 480
   atgaaacaac tgacaaacac ctttctcctg atggccagta tgtccccagg attatgtttg 540
   ttgaccatc tctgacagtt agagccgata tcaactggaag atattcaaac cgtctctatg 600
   cttacgaacc tgcagataca gctctgttgc ttgacaacat gaagaaagct ctcaagttgc 660
   tgaagactga attgtaaaga aaaaaaatct ccaagccctt ctgtctgtca ggccttgaga 720
15  cttgaaacca gaagaagtgt gagaagactg gctagtgtgg aagcatagtg aacacactga 780
   ttagggttat gtttaatggt acaacaacta ttttttaaga aaaacaagtt ttagaaattt 840
   ggtttcaagt gtacatgtgt gaaaaaata ttgtatacta ccatagtgag ccattgattt 900
   ctaaaaaaa aaataaatgt tttgggggtg ttctgttttc tccaaaaaaa aaaaaaaaaa 960
   aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaattgcc ccaaggggga cgggttacaa ttggggggcg 1020
20

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

```

25  (A) LÄNGE: 718 Basenpaare
   (B) TYP: Nukleinsäure
   (C) STRANG: einzel
   (D) TOPOLOGIE: linear

```

```

30  (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
   hergestellt partielle cDNA

```

```

   (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

```

```

   (iii) ANTI-SENSE: NEIN

```

## (vi) HERKUNFT:

```

   (A) ORGANISMUS: MENSCH
   (C) ORGAN:

```

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

```

   (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

```

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

```

45  tgaaaaagta aactacattt cctagcgtgc ccgtgtcttg cttccggctg acgtgtcttt 60
   caggaagagg agctggtgag aagacagcga aatgggcgcct ccggcccccg gcccgccctc 120
   cggcggctcc ggggaggtag acgagctggt cgacgtaaag aacgccttct acatcggcag 180
   ctaccagcag tgcataaacg aggcgcacgg gtgaagctgt caagcccaga gagagacgtg 240
   gagagggacg tcttcctgta tagagcgtac ctggcgcaga ggaagtccg tgtggtcctg 300
50  gatgagatca agccctcctc ggccctctag ctccaggccg tgcgcatggt tgctgactac 360
   ctgcgccacg agagtccggag ggacagcatc gtggccgagc tggaccgaga gatgagcagg 420
   agcgtggacg tgaccaaacac caccttctct ccatggccg cctccatcta tctccacgac 480
   cagaaccggg atgcgcgcct gcgtgcgtcg caccaggggg acagcctgga gtgcacagcc 540
   atgacagtgc agatcctgct gaagctggac cgcctggacc tcgcccggaa ggagctgaag 600
55  agaatgcagg acctggacga ggatgccacc ctacccagc tcaaggtctt ggtaagcttg 660
   caacgggtgt aaaagctcaa ggatccttct gatttcaggg atttgtaaaa ttgttcca 718

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1202 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

20

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

25 gcaggaccgt cattgacgcc atgagcgcgc tgcctggcgt gctgcgcacg ggtgccccag 60  
 ccgctgcgtg cctgcggttg gggaccagtg cagggaccgg gtcgcgcctg gctatggccc 120  
 tgtaccacac tgaggagcgc ggccagccct gctgcgcagaa ttaccgcctc ttctttaaga 180  
 atgtaactgg tcactacatt tcccccttcc atgatattcc tctgaagggt aactctaaag 240  
 aggaaaatgg cattcctatg aagaaagcac gaaatgatga atatgagaat ctgtttaata 300  
 30 tgattgtaga aatacctcgg tggacaaatg ctaaaatgga gattgccacc aaggagccaa 360  
 tgaatcccat taaacaatat gtaaaggatg gaaagctacg ctatgtggcg aatatcttcc 420  
 cttacaaggg ttatatatgg aattatggta ccctccctca gacttgggaa gatcccatg 480  
 aaaaagataa gagcacgaac tgctttggag ataatgatcc tattgatgtt tgcgaaatag 540  
 gctcaaagat tctttcttgt ggagaagtta ttcatgtgaa gatccttgga attttggctc 600  
 35 ttattgatga aggtgaaaca gattggaaat taattgctat caatgcgaat gatcctgaag 660  
 cctcaaagtt tcatgatatt gatgatgta agaagttcaa accgggttac ctggaagcta 720  
 ctcttaattg gtttagatta tataaggtag cagatggaaa accagaaaac cagtttgctt 780  
 ttaatggaga attcaaaaac aaggcttttg ctcttgaagt tattaatcc actcatcaat 840  
 gttggaaagc attgcttatg aagaagtgtg atggaggagc tataaattgc acaaactgac 900  
 40 agatatctga tagcccttcc cgttgcactc aagagggaagc aagatcatta gttgaatcgg 960  
 tatcatcttc accaaataaa gaaagtaatg aagaagagca agtgtggcac ttccctggca 1020  
 agtgattgaa acatctgaaa ttctgctgtc aagattccca tctctaagga ctccaagtgc 1080  
 tagagacaag ggggtctatg agcatttact gacttcctgt taaaacttca ttttttcaaa 1140  
 ctttttgagc tatgcaatat ataaataaac agtaagaatt tttaattaaa aaaaaaaaaa 1200  
 45 aa 1202

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1610 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung



## hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:11

15

ggagccggga ctcgcgggcg gcgggcgggg gcgtcgctgc gcggctggcc ggtgaggccg 60  
cgccatgggg cgagtgcagc tcttcgagat cagcctgagc cagggccgcg tcgtctacag 120  
ccccggggag ccgttggtcg ggaccgtgcg cgtgcgcctg ggggcaccgc tgccgttcgc 180  
agccatcccg gtgacctgca taggttctctg cggggtctcc aacaaggcta atgacacagc 240  
20 gtgggtagtg gaggagggtt acttcaacag ttccctgtcg ctggcagaca aggggagcct 300  
gcccgttgga gagcacagct tccccttcca gttccctgctt cctgccactg caccacgctc 360  
ctttgagggt cctttcgga agatcggtgca ccagggtgagg gccgccatcc acacgccacg 420  
gttttccaag gatcacaagt gcagcctcgt gttctatata ttgagccctt tgaacctgaa 480  
cagcatccca gacattgagc aacccaacgt ggcctctgcc accaagaagt tctcctacaa 540  
25 gctggtgaag acgggcagcg tggctctcac agccagcact gatctccgcg gctatgtggt 600  
ggggcaggca ctgcagctgc atgccgacgt tgagaaccag tcaggcaagg acaccagccc 660  
tgtggtggcc agtctgctgc agaaaagtgc ctataaggcc aagcgctgga tccacgacgt 720  
acggaccatt gcggaggtgg aggggtgcggg cgtcaaggcc tggcggcggg cgcagtggca 780  
cgagcagatc ctggtgcctg ccttgcccca gtcggccctg ccgggtgca gcctcatcca 840  
30 catcgactac tacttacagg tctctctgaa ggccgggaa gctactgtga ccctcccggt 900  
cttcattggc aatattgctg tgaacatgc cccagtgcag cccgggccag gcctggggct 960  
gcctcctggg gcccacccc tgggtgtgct ttccgcacca cccaggagg aggtgaggc1020  
tgaggctgcg gctggcgcc cccacttctt ggaccccgtc ttctctcca ccaagagcca1080  
ttcgcagcgg cagccctgc tggccacctt gattctctgt cctggtgcgc cggagccctg1140  
35 ccctcaggat ggcagccctg cctcacaccc gctgcaccct cccttggtgca tttcaacagg1200  
tgccactgtc ccctactttg cagagggtc cggggggcca gtgccacta ccagcacctt1260  
gattcttctt ccagagtaca gttcttgggg ctaccctat gagggccccc cgtcttatga1320  
gcagagctgc ggcgcgctg aacccagcct gaccctgag agctgacccc gtgctgcctt1380  
ctccaggcag gcctggcctc tgccctggga ctggggcgcc cagggcctcg tgccttctct1440  
40 cttggcctag cctggccccc tcaggacctg cccagcctct gccagctcct ctgcatccgc1500  
cctcttctcc ctggggctgg ggtgggggtg gcaggagct gggacctgga gagacaactc1560  
ctgtaaataa aacactttat ttgtagaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1610

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2155 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:12

```

cacgcaagga tgaggcgggg tttcgccgtg ggcgcgatgc gtgcagcaaa gaatggagga 60
gtcggaaacc gaacggaagc gggctcgcac cgacgagggtg cctgccggag gaagccgctc 120
cgaggcggaa gatgaggacg acgaggacta cgtgccctat gtgccgttac ggcagcgccg 180
15 gcagctactg ctccagaagc tgctgcagcg aagacgcaag ggagctgcgg aggaagagca 240
gcaggacagc ggtagtgaac cccggggaga tgaggacgac atcccgctag gccctcagtc 300
caacgtcagc ctcttgatc agcaccagca ccttaaagag aaggctgaag cgcgcaaaaga 360
gtctgccaa gagaagcagc tgaaggaa gaagaagatc ctggagagtg ttgccgaggg 420
ccgagcattg atgtcagtga aggagatggc taagggcatt acgtatgatg accccatcaa 480
20 aaccagctgg actccacccc gttatgttct gagcatgtct gaagagcgac atgagcgctg 540
gcggaagaaa taccacatcc tggtagagg agacgggtatc ccaccacca tcaagagctt 600
caaggaaatg aagtttctg cagccatcct gagaggcctg aagaagaaa gcattcacca 660
cccaacaccc attcagatcc agggcatccc caccattcta tctggccgtg acatgatagg 720
catcgctttc acgggttcag gcaagacact ggtgttcacg ttgcccgta tcatgttctg 780
25 cctggaacaa gagaagaggt tacccttctc aaagcgcgag gggccctatg gactcatcat 840
ctgcccctcg cgggagctgg cccggcgac ccatggcatc ctggagtact actgccgct 900
gctgcaggag gacagctcac cactcctgct ctgcgcctc tgcattgggg gcatgtccgt 960
gaaagagcag atggagacca tccgacacgg tgtacacatg atggtggcca cccggggcg1020
cctcatggat ttgctgcaga agaagatggt cagcctagac atctgtcgtc acctggccct1080
30 ggacgaggct gaccgcatga tcgacatggg cttcgagggt gacatccgta ccatcttctc1140
ctacttcaag ggccagcgac agaccctgct cttcagtgcc accatgccga agaagattca1200
gaactttgct aagagtgcct ttgtaaagcc tgtgaccatc aatgtggggc gcgctggggc1260
tgccagcctg gatgtcatcc aggaggtaga atatgtgaag gaggaggcca agatggtgta1320
cctgctcgag tgccctgcaga agacaccccc gctgtactc atctttgcag agaagaaggc1380
35 agacgtggac gccatccacg agtacctgct gctcaagggg gttgaggccg tagccatcca1440
tgggggcaaa gaccaggagg aacggactaa ggccatcgag gcattccggg agggcaagaa1500
ggatgtccta gtagccacag acgttgctc caagggcctg gacttccctg ccatccagca1560
cgatcatcaat tatgacatgc cagaggagat tgagaactat gtacaccgga ttggccgcac1620
cgggcgctcg ggaaacacag gcatcgccac taccttcac aacaaagcgt gtgatgagtc1680
40 agtgctgatg gacctcaaag cgctgctgct agaagccaag cagaagggtg cgcccgctg1740
gcagggtgctg cattgcgggg atgagtcct gctggacatt ggaggagagc gcgctgtgc1800
cttctgcggg ggctgggtc atcggtcac tgactgcccc aaactcgagg ctatgcagac1860
caagcaggtc agcaacatcg gtcgcaagga ctacctggcc cacagctcca tggacttctg1920
agccgacagt ctcccttct ctccaagagg cctcagtccc caagactgcc accagtctac1980
45 acatacagca gccccctgga cagaatcagc atttcagctc agctggcctg gaatgggcca2040
ggctggtcct ggctgcctgt tccctgtgct cttcagaatt actgtttttg ttccctttta2100
ccccagctgc cattaagacc caaacctcta gcccaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa 2155

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1743 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

```

15 cctggggcggg ccctgcgtca ggttgcaagt tcaacttttag ctctgggcac ctccagctcc 60
   tgctcgccgg acggctccca gggagagcag acgcgccaga cgcgccaccc tcggggcgcc 120
   gacggtcacg gagcatgggg tcggcctttg agcgggtagt ccggagagtg gtccaggagc 180
   tggaccatgg tggggagttc atccctgtga ccagcctgca gagctccact ggcttccagc 240
   cctactgcct ggtgggttagg aagccctcaa gctcatggtt ctggaaaccc cggtataagt 300
20 gtgtcaacct gtctatcaag gacatcctgg agccggatgc cgcggaacca gacgtgcagc 360
   gtggcaggag cttccacttc tacgatgcc a tggatgggca gatacagggc agcgtggagc 420
   tggcagcccc aggacaggca aagatcgca g cggggccgc ggtgtctgac agctccagca 480
   cctcaatgaa tgtgtactcg ctgagtgtgg accctaacac ctggcagact ctgctccatg 540
   agaggcacct gcggcagcca gaacacaaag tctgcagca gctgcgcagc gcggggacaa 600
25 cgtgtacgtg gtgactgagg tgctgcagac acagaaggag gtggaagtca cgcgcaccca 660
   caagcgggag ggctcggggc ggttttccct gcccgagcc acgtgcttgc agggtagggg 720
   ccagggccat ctgagccaga agaagacggt caccatcccc tcaggcagca ccctcgcat 780
   ccgggtggcc cagctggtta ttgactctga cttggacgtc cttctcttcc cggataagaa 840
   gcagaggacc ttccagccac ccgcgacagg ccacaagcgt tccacgagcg aaggcgctg 900
30 gccacagctg ccctctggcc tctccatgat gaggtgcctc cacaacttcc tgacagatgg 960
   ggtccctgcg gagggggcgt tcaactgaaga cttccagggc ctacgggcag aggtggagac 1020
   catctccaag gaactggagc ttttggacag agagctgtgc cagctgctgc tggagggcct 1080
   ggaggggggtg ctgcgggacc agctggccct gcgagccttg gaggagggcg tggagcaggg 1140
   ccagagcctt gggccggtgg agccctgga cgggccagca ggtgctgtcc tggagtgcct 1200
35 ggtgttgtcc tccggaatgc tggtgccgga actcgctatc cctgttgtct acctgctggg 1260
   ggcactgacc atgctgagtg aaacgcagca caagctgctg gcggaggcgc tggagtgcga 1320
   gaccctgttg gggccgctcg agctggtggg cagcctcttg gagcagagtg ccccggtggc 1380
   ggagcgcaga ccattgcccct gcccccggg ctccctgggga acagctgggg cgaaggagca 1440
   ccggcctggg tcttgtctga cgagtgtggc cttagagctgg gggaggacac tccccacgtg 1500
40 tgctgggagc cgcaggccca gggccgcatg tgtgcaactc acgcctccct ggcactgcta 1560
   tcaggactga gccaggagcc ccactagcct gtgccggggc atggcctggc agctctccag 1620
   cagggcagag tgtttgccca ccagctgcta gccctaggaa ggccaggagc ccagtagcca 1680
   tgtggccagt ctaccatggg gcccaggagt tggggaaaca caataaaggt ggcatacgaa 1740
   gga
   
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 970 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:14

cggtctcgagt ggggtttttag tttgttcctt ctttttgaag tcccttcatt tcaatccttg 60  
actctctctc cccttccctt gccagctct gttgaatgct gctgtgcgcg tgtgagggcc120  
15 gctctgcaca cagggccctt gggttgtgtg aactgaaatt ctccctgtat ttgtgagact180  
cgcaggagtc cccatctgta gcacaggcaa tgccagtgcc atgctgcagc ctcagaaacc240  
aggcctctca ctccagcagc aggcagaacc gtgtctgtgg tcgggtgctg tccacagctc300  
tgtctgcctt gttcttgggc ttgagctgga tagaggtggg gtctcttcac ctccctgaa360  
ttcagaacag accctgtgcc tggcccagc gtgcccagc aattcccag gccctcattg420  
20 ggagcccttg gtgtctgag cagcagggcc caggcagcac atgagcagtg cccaggggct480  
ccctgcgtga ggacggcaag gtgcgatgta tgtctaactt attgatggca ggcagcccc540  
tgtgccccct aagcctggcc ctggttattg ctgagctctg tgctcagtcg tgcggcctgg600  
ccgtggctcg tctgttcctt tggggggccc gggcggttg tgggaatcag tcttcacaga660  
cagacgtgag ccaggcggag gactcgttcc ttgcagaggt cagtcctcac ctgcaggtgt720  
25 cggggtgggg gggggcaagg aggggcaggc acacaccatg tctgacctga acccgattct780  
ggggagcatc ttcccgctcc ggccccacga cctccacagg gttacattgt aatatatatg840  
cccagctaa cctgtctgat ggtggcatct tctgcagac atttcaaaca tgtaactttt900  
atatgaaaaa aaataaacac agatgaaagc tgcccaatgc caaaaaaaaaa aaaaaaaaaa960  
aaaaaaaaa 970

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35 (A) LÄNGE: 2003 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:15

55 gagagatctg aaataacctt tcccagtggg cagggttgcc aggggttgagg ggacagcaca 60

```

taccaccccc acccaacctg ttcgaggggc cctgcatggc acgggatgag tccctgcct 120
gtgcagctgc ctggcagtgg ctgggacaag gatcttgag ccagcacaga ggcctcttca 180
aaggcctctc cctcttgga ctccaggcaa ggcagggtgc cgcttcccca acacctccag 240
gcagtgaccc tagggcatgc cccagcaggt ctccgagcag ccactgggac ccgtctcagc 300
5 acatcctggc ctttgaaagt ctgatatcct gagaggaggg caggtttttag ggccgcagtt 360
ccagccagcg tccccagcct ggcttccctg ccatggactc agtagctcgt ggggcttctt 420
accacccacc agccccgctg ggggtgcggc tggctgtggg caaaggagga cttgcctgga 480
gatttgagag aagattcctt ctaccagggc tgctgagggg ccaggcctgc atcaggggct 540
aggtctctggc tgggcccga ggctgagact aaggctttcg accctgggtg ctcctatgtg 600
10 atgctgcctc agacaaaggc agtgagcctt ccctgccaaa gtgcccaccc catgggctcg 660
gcctcactgg tcaactgttag cccatgaaca cgtgtgggccc tcggtcacgt ggctttgagg 720
gcagtctgac caggctagac cacacgtgcc gtgacagggg gtgccattcc cctgcaggc 780
tctaagtgc ccacatgtag cctggcagtc caaagaccaa gaatcaactt gcaaactctg 840
cattaaactc ctgtgcgact tcaggccttc cactgccttc tctgggcttc agtgtcctt 900
15 tcatacctag aagtctgagg tctgaggctc tttgggttca gacacactgt tctaggtctc 960
tgtaggggac cttgtgatct gccgtgcccc tcttccctgt tcttttctgt cctccccacc 1020
ccaccctcag aagctgcttg ctctgcccc aggacaggag cttgacggat gaagtgcagc 1080
cagccacca ggtgccattt ccagtctgac ttccagaaat gtgcaccatg tcctagagca 1140
cagaccatt ggctggagcc tccctggagg gttcaaaaca tcagctctat gagaatgcc 1200
20 cagaaaggct ttgccgactc catccgtctg tggaggctgc ctgcctccgg ggtgggatgg 1260
gtggtttctc ctccaattca gacccaagag gttagccccg agggcatgta cctggtgga 1320
agcagctcag gtacccttgg ggggtgcagg gcccttacgc aggtatttct ctctctctcc 1380
tctctggggt gcgtgtgtgc gtgcgctgt gcgtgcctat gcttttctct gtgggcacat 1440
caggatgccc ctggagagc atgtgcacgt gtccccacct gagcgagcgt gtgtgtgtgc 1500
25 tccctctgct cccaggtttg gacgtctagg gtttggtgtg cctgtcttct gccctccctg 1560
agcccacagg gtcagtcaat gtatcttcta cgtgcctctc cctctgcctt ctctcacagt 1620
gccccggct ccagagctca gggtagggg ttctcctgag ggtgcagggg atccttctca 1680
tctcctggac cctccagggc actctggtcc ctattcccca gctcctaggc agctgagccg 1740
ggtcccttag gggaggtgac caggagcttt ggtgcagggg gctcttggtg gggcaaagg 1800
30 ctggaccct gccaggctct tggacatggt tatatgcccg ggagagggg gtgcagggcc 1860
ccagggatgg cccccaatcc cactctgtt tattctgtaa actgcaacct ataaataacc 1920
tttagcattc ctattgtaac aaaattaatt tttatgaaat aaattatatt tcctagtcta 1980
ataaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa
2003

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 2279 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:16

```

gattgaatta agcccttggg tttgccccac tgcagcttca agcggaaagg aaggaaccag 60
ttggaccagt ggtcacagac ccaagcaaaa ggcgaccgca atcagcagct gggctctacc 120
cctttcctct gaaccagtga cccaaacctt tcaccctcga ttgggcaacc ttggcctggg 180
5 gcatgtttat caccactgaa gtgacttgca gctatcaaag accagttaga ggggtgtgcag 240
caagcacttt ctcaggctgc ccccatccca gaagaggaca cagacactga agaagggtgat 300
gactttgaac tacttgacca gtcagagctg gatcaaattg agagtgaatt gggacttaca 360
caagaccagg aagcagaagc acagcaaat aagaagtctt caggtttcct ttcaaactctg 420
ctggggaggcc attaatctag gaatcagctt gcaacagagc acaaaaaaca ccaaaaaaat 480
10 ttcaaacaaa aaaaaaaaaa aaaaaaggaa aagaaaaaaa ttgaactgta agctttaatg 540
attacttttag atttgtttta tttccctcc tgcagtgaat taattggata tatatcagct 600
gacactgata gattgatatt tctgatcgtt atttttgtgt aataagcatg gaaatgaact 660
ttatacacac cactgtgttg tcagagataa atattagggg ttgtttttaa agcaaaaaga 720
aaaaaacaaa aaccaaacta ttaaaatcct cctataaata ttctttttct ttacagtttt 780
15 tcaagcatgc aaaacagttt attgtaactt actgaaaaat attaacaatt aattgtgaat 840
acatgctgtt accagcttcc ttattcctaa tacctggaaa attttttttt caacggatag 900
attttgatgt aaaaaagacc gaaattatca aggtatctta gttgaaggac ttgggaaata 960
ctatcaaaat taatttctta ggaaaaaatt taaaagtata tttaagtact ctggatagac 1020
tgaacggtt ccatgttatt tctgcagttg tagacttagg cttatttgta aagaagcatg 1080
20 ctccattgac tgccatctct agtcttgca tgggtgggtat taacccatag aaagcaagca 1140
gttgtgtatc acatagacaa tgggttatgat gtaaacagat tcagttgttt tgttgtcat 1200
tcgtcatatg tttgtgatag ggatgttggg agcacagctc tattctgcct gctcagactt 1260
aagttagacc cttatctttt atattatgtc atgaaaaaag tctcctaaaa ttgtgaaact 1320
agtctctgat gagtgatgtg atcatcagca ataaagatat aataactctg ttttcttagc 1380
25 ctgtatagag gagaggaact tgcttggcct taaaatatat ttatttgcca tttaagtata 1440
aatatgaaat ctgtttctta ttgggaagat agaatatata tattttcctt taaacttttt 1500
aaggctcact ttaataaacc aaatttgatt tatgggtttt aacaaaggac taaagagctg 1560
aaaccaacct agttttgtt ttgtgatata aactttaagt gtcgagggac catgccagca 1620
actacaaaa atctcttaaa tcttcaggtc cagctggcat tttggcagat gcatagagac 1680
30 atctgagacc ctcagaaaag aaggataatc caagaatata ggaaatctgt gttctcttcc 1740
tttcattttta tcccttata tttctaaagac taattataag taatctgaca ttttaagtga 1800
gctactctta tttatttttt ctttctgagg tattaataa tctggactga gttttgccaa 1860
atgttaaagg gagaagagtt actgaagact ttgaacactt gctttttgtg attgcttatg 1920
tcattagtgc ctcatgactg tgtttgatgt cctttattga tacaagtga gcctgtgcct 1980
35 tcattatctt gccatttta atacaaatgg aaacctggtg ttgaaaatc tctgaactgt 2040
gtgggttttg gaggaatata cctgaatttt attcaataac agtttctgga caggaagaaa 2100
aatacagtta catatttata aaatagtcgt tatcagtatt tttttatgtg tatgtttctt 2160
tctttaaaac aatattcttg gatataaagt agaaaagttt aaaggtcatt tccatttctt 2220
cactaaggag aaaaaagtt aaataatcca agtaattaaa gatataagtc actagatga 2279
40

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 761 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:17

aaatcttagg gtaagccagc tgccttggaa gcccaccagg gctccagact gcagggaaga 60  
 agccgggagc aggcagccat acctccactc ttgtcctcaa ggactcagct gtgtggcctt120  
 ggattttctt ttgcgggact tgcgccctgc aggacactgg tgttgaggtt ggagggtcct180  
 10 atcctgcccc ggggtgactc ccagggttgc agggggatag ggtggagaag ggtgctgtag240  
 cccttgccag cgtgaagtcc tttctgctct cttagcctat tacattagga gtagcttacc300  
 tttgggtgcc aacggtccag gatcccccta aaatgggatg gggataattc aggaatcagc360  
 ctgggttggc acaggggagg tattccttgg agaggcagga ctcacacaca cccatccaga420  
 tcagtgtagc ttctccctta ggaagcctct aggacatccc ccatgttaga gtccacatca480  
 15 gcaaagctgc tctgcccttg gctactttca cttgggctac ctgccttggg ctacttccac540  
 tagctgcaac cctgggacgc atgggaggga aggggtgtga cctcaggaa cagtgtgttc600  
 cttggagggt ctagacagac cctgagcatc accaccccag ttattgtgac cccacgtttc660  
 caccatcag cctcctgggg tctctgcctg tgtgaacagt agggcccaac ctggaaccag720  
 atggtacggc catgccggtc ctgcaggag ctcctgcctg g 761

## 20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1403 Basenpaare

25 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:18

45 ggtggctttg cctgggtgct gggcctgcgt tctctggctg cttgctgcct gtgtgcgttc 60  
 cttgggtggc ttggcttctg cactccttgg tegtaccgc tcaggtcctc cattcacacg 120  
 aggtcctcct cgtcttgcc gctcttgctg ctctgtctg aagaaatcag actgatttcc 180  
 tcttaagact cctagggatg tgggtgaagag ctgggactca agtgcagtc acggtgtgaa 240  
 acatgaggga ggtgaggtgt ccgtccactt cccccataaa ggtgtgcatt tcagttaggc 300  
 50 tgccccgcca cagagcaggc ttcatctgct ctgccatcca gccccatctg gatgtgaggt 360  
 ggggtggaga catcatgggg tgattgcaga aagggggagt ggcggccac gcagcttctg 420  
 ctgaggagct gaccgctctg agctgttctg ttctgtattg ctgctctgtg tctgcatgta 480  
 ttgtgaccgt ggggtccac ctcttccagc tgctgtaca gctgaggcct ggatccggc 540  
 ctttccctgt gacttacgtg tctgtcaccg gcaggcagcc ctacaaatcc tgggtgacctg 600  
 55 ctctcccaag aacagagcct gtccccagat gtcccagtag cgatgagtaa cagaggtggc 660  
 tgtggacttc ctctacttct ccttgcctga tcagggcctt cctgcctccc gctgggcagg 720

```

tctggccttg ctctcttggc agggccccag cccctctgac cactctgcag ctccacatgc 780
agctgatgcc aaagtgtggt tgtccagtgt gcagcagccc tgggagccac tgccaccttc 840
agaggggttc cttgctgaga cccacattgc ttcacctggc cccaccatgg ctgcttgcc 900
ggcccaacct agcgttctgt gccatgctag agcttgagct gttgctcttc ttcaggggag 960
5 gaaatagggg ggagagcggg aagggtcttg ctctaagtgt ttgctgctgt ggcttttttg 1020
ccttctccaa agacgcactg ccaggtccca agcttcagac tgctgtgctt agtaagcaag 1080
tgagaagcct ggggtttgga gcccacctac tctctggcag catcagcctc ctactcctgg 1140
caacatcagg ccaacgtcca cccagcctc acattgccag atgttggcag aagggtctaat 1200
attgaccgtc ttgactggct ggagccttca aagccactgg gatgtcctcc aggcacctgg 1260
10 gtcccatgac cagctccccg tctccatagg ggtaggcatt tcactgggtt atgaagctcg 1320
agtttcatta aatatgttaa gaatcaaaac tgtctttgtt caggctgcta taacaaaaat 1380
ataatagcct ggggtgctta aac
1403

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

15

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1702 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

```

gggcccgcacc ggagtgtcgg tggatgatgg catccccagc gtgcgggcgc aggtgcactc 60
gtacctgact gacctctgc actcgtcat ctccgagctg agccgcagc agaaggagga 120
40 ctcggtcatc gtggtgctga tcgccgagac tgactcacag tacacttcgg cagtgcaga 180
gaacatcaag gccttgctcc ccacggagat ccattctggg ctccctggagg tcatctcacc 240
ctccccccac ttctaccctg acttctccc cctccgagag tcccttgggg accccaagga 300
gagagtccagg tggaggacca aacagaacct cgattactgc ttccctcatga tgtacgcgca 360
gtccaaaggc atctactacg tgcagctgga ggatgacatc gtggccaagc ccaactacct 420
45 gagcaccatg aagaactttg cactgcagca gccttcagag gactggatga tcctggagtt 480
ctcccagctg ggcttcattg gtaagatggt caagtctctg gacctgagcc tgattgtaga 540
gttcattctc atgttctacc gggacaagcc catcgactgg ctccctggacc atattctgtg 600
ggtgaaagtc tgcaaccccg agaaggatgc gaagactgtg accggcagaa agccaacctg 660
cggatccgct tcaaacctgc cctcttccag cacgtgggca ctactctc gctggctggc 720
50 aagatccaga aactgaagga caaagacttt ggaaagcagg cgctgcggaa ggagcatgtg 780
aaccgccag cagaggtgag cacgagcctg aagacatacc agcattcac cctggagaaa 840
gcctacctgc gcgaggactt cttctgggac ttccacctg ccgcggggga cttcatccgc 900
ttccgcttct tccaacctct aagactggag cgggtcttct tccgcagtgg gaacatcgag 960
caccggagg acaagctctt caacacgtct gtggaggtgc tgcccttcga caacctcag 1020
55 tcagacaagg aggcctgca ggagggccgc accgccaccc tccggtaacc tcggagcccc 1080
gacgctacc tcagatcgg ctcttctac aaggagtg cagagggaga ggtggaccca 1140
gccttcggcc ctctggaagc actgcgcctc tcgatccaga cggactcccc tgtgtgggtg 1200

```



attctgagcg agatcttctt gaaaaaggcc gactaagctg cgggcttctg agggtagccct1260  
gtggccagcc ctgaagccca catttctggg ggtgtcgtca ctgccgtccc cggagggccal320  
gatacgcccc cgcacaaagg gttctgcctg gcgtcgggct tgggccggcc tggggtccgc1380  
cgctggcccc gagggcctag gagctggtgc tgcccccgcc cggcgggccc cggaggaggc1440  
5 aggcggcccc cacactgtgc ctgaggcccc gaaccgttcg caccgcgcct gcccagtc1500  
ggcggtttta gaagagcttt tacttgggcg cccgcgctct ctggcgcgaa cactggaatg1560  
catatactac tttatgtgct gtgtttttta ttcttggata catttgattt tttcacgtaa1620  
gtccacatat acttctataa gagcgtgact tgtaataaag ggttaatgaa gaaaaaaaaa1680  
aaaaaaaaaa aa  
1702

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 802 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

tttttttttt ttttttttca ttttcaaaag ggcttttatt aaattotccc cacacgatgg 60  
ctcctgcaat ctgccacagc tctggggcgt gtccctgtagg gaaaggccct gttttccctg120  
aggcggggct gggcttgctc atgggtccgc ggactggccg tgcttggcgc cctggcgtgt180  
gtctagctgc ttcttgcccg gcacagagct gcggggtctg ggggcaccgg gagctaagag240  
caggctctgg tgcagggggtg gaggcctgtc tcttaaccga caccctgagg tgctcctgag300  
40 atgctgggtc caccctgagt ggcacgggga gcagctgtgg ccggtgctcc ttcctaggcc360  
agtccctggg aaactaagct cgggcccttc tttgcaaaga ccgaggatgg ggtgggtgtg420  
ggggactcat ggggaatggc ctgaggagct acgtgtgaag agggcgcccg tttgttggct480  
gcagcggcct ggagcgcctc tctcctgagc ctgagtttcc ctttccgtct aatgaagaac540  
atgccgtctc ggtgtctcag ggctattagg acttgccctc aggaagtggc cttggacgag600  
45 cgtcatgtta ttttcacaac tgtcctgcga cgttggcctg ggcacgtcat ggaatggccc660  
atgtccctct gctgcgtgga cgtcgcggtc gggagtgcgc agccagaggc ggggccagac720  
gtgcgcctgg gggtaggggg aggcgccccg ggagggcctc acaggaaagt gggctcccgc780  
accaccaggc aggcgggct cc  
802

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1647 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

```
accccttctc tttcttttc cctttttctt tttctttttt gggttaagggt gacaccccat 60
ttattggaga agacccacagc acccgccccc tgaggcttta agggcttttg tgtatccttg 120
gtcacgagcg ctggggccagg aagcagagtt cctgagagcc aagtctagt gttgagagag 180
gacctgggt gggcctgggg agcaggaagc catctgtcca gctgggcagc ccccatgggt 240
ccctgggtgca gccccggcca tgtgtccagc gcccatact ccatgagggg ggtctgcacc 300
ccatcacacg ctggttctgc aggtctgcac ccctgtgagg ctgcccctgg ggggcatggg 360
ttctgttggg ctcttgctcc cagcatggat gaccagcga tagcagtcag tgatgcgctt 420
25 gttgggtgca tgggggccac agcgggtgca gtacacgat cccagtgcaa gcaggaccac 480
caaaaagaca cacgttggca ccaggagtgc caccagcagc caccggtcat cctctgggt 540
gtgctcggca agaccagcct cccccagggc tgttggggct gctgtgggag ctggtgaggg 600
cagccacagg gccaacttg gactggggcc atcttccctt gggatttggg gggctttgga 660
atggggatgt gtagggctga tgggtgaggt ctggttagtg gggctctgag agggcaggag 720
30 ggtggggagg gctgcgggct gggtggcagc aggcacagag atttgatggg caggagacac 780
aggggacctg gaggtggtg tcaagagagg ctgggcagtt gggataatgg gaagctgggt 840
ggcctgggt ctgaggacaa gggcatctgg ggcttgagg ggtcgctgg caccgagggt 900
ggtgaccaga ggggcatggt taggtgggat tccaggcaaa tgagtgtgg tctgggtgcc 960
agcgacccgg gtgtctgga acatggggga ctggtgggca gggaagagct ccggatattt1020
35 ggttgagatc ataggggct ggtgggcagg aggctgtgct gaatgagaga cagagagaat1080
accgggttgg taggcagaag gcagatctgg atagttggct gcgatcacgg ggatctggtg1140
gtcacgggac aaagctgggt gtgtggcagg gatcacagga ggctggtggg cagaaggcag1200
tgtgggatgc gtggcagaga ccaccacagg ccgggtgacg gagagcactg aggagtggta1260
ggggaccctg ggggactga gcgggggtgg ccaggtgggc tccgggtagg gtatctgtgg1320
40 ctctctgtcc tctgggaagc tcggtctata ggccagggca aagtcaggcg gctgcgtagg1380
ctccatccac aggatccag gcattccgt ccagccaccg ttgaagcctt ccaggcctcg1440
tcttcattct cctcatctc cccgtcatcc agcaactcat ctccgaggtc ctgggaacct1500
tgggcaccca tggccctgc agggctgcag ctgatgccat cagcctccag ctcatgtccc1560
tcgctacaat aacactcgaa gccaccaacg tagttgacac acatctgctg gcacacaccg1620
45 gcaatctggc actcatctgt gtccaca 1647
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50 (A) LÄNGE: 1170 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

15 cctcgctggc agaagagata gaatcagggc tgccccaca gagggggacc caaggggcta 60  
attggaggca cgaggggacc cctccccagg gccttttctt cctctgcgtc ttccatctac 120  
tgaaatggga gagggggtgg ggagcttctg ttctgggtgaa gggacccggg caggcccca 180  
gcaccccatg ctgacttggg gaaccccaga tctctggggc ccagccaggc aggggtgtgg 240  
ggcagctgtg ccaatctacc tcacaggccc acccctgcc gggcatgccg tgggatcatg 300  
20 ggcagggaa gctctggggg tcggagacac cgctgcttag caccaccagc cagaacaccc 360  
tgaggggtctc ggggctctgg agagagtgagg gcgggaggaa gaattggcac cttcctaggg 420  
aagggagacg gcgcttcgcc ttgattctcc gagaagcctc cgagaagtgc ttttaagtgtg 480  
tttgcagtcg ccaggcggtg ggcagcgggg gcctgtccag ccctctcccg ccatccttcc 540  
ccaagtgcg tccactgcct tgtcaccagc gacctgcctg tcatgccac cccctgagga 600  
25 agcatgggga ccctaaccac ctggtgccct gcaccagaca ggccgtggtc aggccaggc 660  
caccggccgg gttctgccac agcttcccac gtgcttgctg acatgcgtgt gcctgtgtgt 720  
ggtgtctgtt gctgtgtcgt gaaactgtga ccatcactca gtccaaacaa gtgagtggcc 780  
ctcgaggcca cagttatgca actttcagtg tgtgtcataa cgacgtcact gctttttaa 840  
ctcgataact ctttatttta gtaaaatgcc caggagtcct ggaagctacg cggacttgca 900  
30 gaggttttat tttttggcct tagaatctgc agaaattagg aggcaccgag cccagcgag 960  
cagcctcgga cccggattgc gtttgcccta gcggatatgt ttatacagat gaataaaaa 1020  
tgtttttttc tttgggcttt ttgcttcttt tttccccccc ttctcaccct cccttctccc 1080  
cgacccacc ccccaaaaaa gctacttctt cattccgtgg tacgattatt ttttttaact 1140  
aaaggaagat aaaattctat attcttaaaa 1170

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1259 Basenpaare

40

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:23

```

5  ggagtatcca gataggcgac acgccggcgg gcggtgagg cgggaatggc tgctgtactg 60
   cagcgcgtcg agcggctgtc caatcgagtc gtgcgtgtgt tgggctgtaa cccgggtccc 120
   atgaccctcc aaggcaccaa cacctaccta gtggggaccg gcccaggag aatcctcatt 180
   gacactggag aaccagcaat tccagaatac atcagctggt taaagcaggc tctaactgaa 240
10  tttaacacag caatccagga aattgtagtg actcactggc accgagatca ttctggaggc 300
   ataggagata tttgtaaaag catcaataat gacactacct attgcattaa aaaactccca 360
   cggaatcctc agagagaaga aattatagga aatggagagc aacaatatgt ttatctgaaa 420
   gatggagatg tgattaagac tgagggagcc actctaagag ttctatatac ccctggccac 480
   actgatgac acatggctct actcttagaa gaggaaaatg ctatcttttc tggagattgc 540
   atcctagggg aaggaacaac ggtatttgaa gacctctatg attatatgaa ctctttaaaa 600
15  gagttattga aaatcaaagc tgatattata tatccaggac atggcccagt aattcataat 660
   gctgaagcta aaattcaaca atacatttct cacagaaata ttcgagagca gcaaattctt 720
   acattatttc gtgagaactt tgagaaatca tttacagtaa tggagcttgt aaaaattatt 780
   tacaagaata ctctgagaa tttacatgaa atggctaaac ataatctctt acttcatttg 840
   aaaaaactag aaaaagaagg aaaaatattt agcaacacag atcctgacaa gaaatggaaa 900
20  gctcatcttt agtttcagat taaagaaagc tttgttttat tttgctttga gagaatggta 960
   tgttttctta actataggtt attttataga gaatataaaa gtataaaaca ttaaaaaataa1020
   ccttagatat actttaaaat aatgttatat ttatgctaaa atatgtaaat tacactatac1080
   aaccatatga taggttattt ctctaacctt gtcttctaac gttttacca aaattcataa1140
   tctaatagtt tatcagtttt caatagatta aataaaatga ttactttaaa aataataaaa1200
25  tttatcta at taaagttga aaaaattttt ggccgttagt tatctattac tagtgatca 1259

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 30 (A) LÄNGE: 1021 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```

50  gcgttctctc tccggccctc ggtaaccgcc agcagcgccc tgcttcccgt ctgcgcgagt 60
   ccacgcagct cccaggcccc ttcaccagca cagcagcagc aggcattggc gcaagcgtgg 120
   agcagcgcca gggcaccatc cagggtgcagg gccaggccct cttcttccga gaggccctgc 180
   ccggcagtg gacggctcgc ttctctgtac tgctgctgca tggatttcgc ttctcctccg 240
55  agacctggca gaacctgggt acactgcaca ggctggccca ggctggctac cgggctgtgg 300
   ccattgacct gccaggctcg gggcactcca aggaagcagc agcccctgcc cctattgggg 360
   agctggcccc tggcagcttc ctggcggtcg tgggtgatgc cttggagctg ggcccccccg 420

```

```

ttgtgatcag tccatcactg agtggcatgt actccctgcc ctteectcacg gccctggct 480
cccagctccc gggctttgtg ccagtgggcc ccatctgcac tgacaaaatc aatgctgcca 540
actatgccag tgtgaagact ccagctctga ttgtatatgg agaccaggac cccatgggtc 600
agaccagctt tgagcacctg aagcagctgc ccaaccaccg ggtgctgatc atgaagggg 660
5 cggggcaccg ctgttacctg gacaaaccag aggagtggca tacagggtg ctggacttcc 720
tgacaggggt ccagtgaagc ccagcactgc tgcagggggt gggctgcctg cctgctctga 780
gctctctctt gcacgctctc tcttctctcc caggctctgg ctcatgcaca tgcaacagg 840
gcgtctgtct atatgtctgg gttcttctct tttgtggtct gtttgcctt tctacctct 900
tctcttgca tgatagactg agggggtaaa atcaagagga aaaaactctc aggaatcaag 960
10 gaacataatc ctgtggaggg taaaccatta catgaggctt ctcccgggtc gttcaagttt 1020
c 1021

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

## 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1407 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

```

agcaaaaggtt gccggagacc aagatcggaa gcgtgaaata cgaaggcatc gagttcattt 60
aactgaaaac cggctcaagg agcaaggcca tcaggactca gcttttataa aaacaagagg 120
agtgcacttt tgttttgttt tgttcttttt ggaactgtgc ctgggttggg ggtctggaca 180
40 gggagccag tcccgggccc catagtgggt cgggcaactg acccccgggc cccacggagg 240
ccgcgggtctg aactgcttcc catgctgcca tctggtgggt atttcgggtc cttcaggcat 300
tgactcaagg cctgcctaac tggctgggtc gtttcttcca tccgacctcg tttcttttct 360
ttcctatggt cttttgttca gtgaatatcc cttagagctc taccatatgt caggccctat 420
gcctcaccct gagaacgcag tgggcatgag gtggacctgt ttgctgggaa cccagggtca 480
45 ccccttttcc ttccctactc gtgctggag catcatgtcc acccctgcag atccttggaa 540
aagaaaatgt ttatgttgca gggatttgca tggtcacgag tgagggcagg cccctgggga 600
cacatctgcc cacagctgca caggccaggg cgcaggcaca tctgttgggt ctcaggctc 660
agataaaacc atctccgcat catatggcca gtgaccgctt tctcccttca agaaaattct 720
gtggctgtgc agtactttga agttttaatt attaacctgc ttttaattaaa gcagtttcct 780
50 ttcttataaa gtggaatcac caaatcttat cacacagagc acagtctgt agttaccag 840
ccgctccag cagtgcggga gattgtaagg aagcggtggt ggctggtgaa gcaagtctca 900
catgtcggcg ttcttggcca atggatatac agataaagaa aatgttgctt ttttctagga 960
actgtcagaa atcctcatgc ctttcaagac ttctgtgaat gacttgaatt ttttattccc 1020
tgcctagggt ctgtgaacga ggctgtctc ttccctgggg tttctttcca tggcctttat 1080
55 ttctcctctt ccagtgggag ttttgcaggc tcttctctgt ggaaacttca cgagcgttgg 1140
ctgggcctcg gcttcgctgg agtgtactcc aggggtgaagg cagagtggga tttgagacct 1200
aggttaggca cgaccaggc tgagaaggga cgtttccatc attcacagt ccctccccac 1260

```

agcactacct cagcccgagc cccaccctca ctctacccc acccccgcat cgtcaggggt1320  
gccacggtgg gccggagggg gccccgtogg ggcttggtcc tgttgccggg ccctgaaaaa1380  
gcttttcccc ttttgaaatt caagcac 1407

## 5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 286 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

30 ctctcggctc cgcctggcag cagctccgcc gccagagggc gtccgagacc ctccgaactcg 60  
tgggtacgca taggcctcgc cagcgagcct tgcccaggca acgagtcgcc agcccgcccc120  
ctcgcgcggg gctaggtctc acctcgccac cagtacgtct tggacaagta gtgccaggtc180  
tgatgccggg tgtggtgagt gccgcggga cccaggtgcg ccgcctcgat gaggtcccgg240  
cgtcgctccg gctgcagcac cacctccagc tccgcgaagg tcttgc 286

## 35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 815 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

5  
 cgcctcgttt gcaactgggtg ctggacagcc gacgcaacta caaatggggc ggagtttcgg 60  
 cactggagca gctaatttgc atataggaat gagctcccac aaacacgaga agttccagca120  
 agttcgccac ttccggttct cctggctatc caatagcatc gaggaggagca tccccggaag180  
 tgaggcagcg gaggacgacc tttttccggt tccggcctgg cgagagtttg tgcggcgaca240  
 10 tgaaactgct tacccacaat ctgctgagct cgcagtgtgc gggggtgggg tcccggtggt300  
 tccccctgcg cctccaggcc accgaggtcc gtatctgccc tgtggaattc aaccccaact360  
 tcgtggcgcg tatgatacct aaagtggagt ggtcggcggt cctggaggcg gccgataact420  
 tgcgtctgat ccagggtgccc aaagggccgg ttgagggata tgaggagaat gaggagtttc480  
 tgaggacccat gcaccacctg ctgctggagg tggaagtgat agagggcacc ctgcagtgcc540  
 15 cggaatctgg acgtatgttc cccatcagcc gcgggatccc caacatgctg ctgagtgaag600  
 aggaaactga gaggttgattg tgccaggcgc cagtttttct tggtatgact gtgtattttt660  
 gttgatctat accctgtttc cgaattctgc cgtgtgtatc cccaaccctt gaccaaatga720  
 caccaaacac agtgtttttg agctcggtat tatatatatt tttctcatta aaggttttaa780  
 accaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaagt cgacg 815

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 548 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

45 tttctcgaac cttctctttt ctttcttttt tgcactgtgc aaatatattg actttatttg 60  
 tctcctttca ggagcctcac agacatatcc aggtaaaaag atcgttaaat aaatgccttc120  
 agccatcgca atgcaaaaaa aaatatcaat cctccagacg cagtagcagc cgcgctgcgc180  
 ccaaagtccc aacggccacg cctaacaatt ataaaagtgt tcagcgagag tgttggcggt240  
 agtgtgaatg ggtgtgcgct ggggggcacg gtggagcggt gtgcaaaatc ggagttgcaa300  
 50 accatcggac aagggcatgg agtggctacc cgccgcccac tcagcgcggg cgcgctctccc360  
 cgcacacact cacagcagag ttgcactgg gaagagttaa aaaataaaca ttacaagga420  
 cgaggaaagc ggccccgctc ccggcgctcc cgggccaggg cgagcgcggc gagggcgca480  
 ccgaccgggt cgagcgggg cgggagtcgg aagcgcgcca ggagcgggcg gtcccgggtc540  
 cttgcggg 548

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 493 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
5 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- 10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
20 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

25 gcaagatggc tgcctgaca gggagattt tgcagcactc cagagcctgc tcaaggcctc 60  
ctcgaaagat gttgtcagac agctgtgtca agaaagcttt tccagttcag cccttggctt120  
gaaaaaactc ttgatgtta catgttccag cttgtctgtg acccaggagg aggcagagga180  
actgtctccag gctctgcacc gcctcactag gctgggtggca ttccgtgacc tgcctctgc240  
cgaggcaatt ctggctctct ttccagaaaa ttccaccaa aacctcaaaa acctgctgac300  
aaagatcatc ctagaacatg tgtctacttg gagaaccgaa gcccaggcaa atcagatctc360  
30 tctgccacgc ctggtcgatc tggactggag agtggatata aaaacctcct cagacagcat420  
cagccgcatg gccgttgccc cacctggcct gggtccagat ggaagggttc aaggagggttc480  
ccaggctatg ggg 493

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

- 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1063 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- 45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
50 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:



## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

5 cgctccccc tccaactctc aaccacttc tccagccagc gccccagccc tcccgcgcgc 60  
cgctcgagg tcccaggag cgcagactgt gtccctgaca atgggaacag ccgacagtga 120  
tgagatggcc ccggaggccc cacagcacac ccacatcgat gtgcacatcc accaggagtc 180  
tgccctggcc aagctcctgc tcacctgtg ctctgcgtg cgccccggg ccaccaggc 240  
caggggcagc agccggctgc tgggtggctc gtgggtgatg cagatcgctg tgggatctt 300  
10 gagtgcagtc ctaggaggat ttttctacat ccgcgactac accctcctcg tcacctcggg 360  
agctgccatc tggacagggg ctgtggctgt gctggctgga gctgctgcct tcattttacga 420  
gaaacggggt ggtacatact gggccctgct gaggactctg ctacgcgtgg cagctttctc 480  
cacagccatc gctgccctca aactttggaa tgaagatttc cgatatggct actcttatta 540  
caacagtgc tgcgcgatct ccagctcgag tgactggaac actccagccc ccactcagag 600  
15 tccagaagaa gtcagaaggc tacacctatg tacctccttc atggacatgc tgaaggcctt 660  
gttcagaacc cttcaggcca tgctcttggg tgtctggatt ctgctgcttc tggcatctct 720  
ggccccctctg tggctgtact gctggagaat gttcccaacc aaagggaaaa gagaccagaa 780  
ggaaatgttg gaagtgaagt gaatctagcc atgcctctcc tgattattag tgcctgggtgc 840  
ttctgcaccg ggcgtccctg catctgactg ctggaagaag aaccagactg aggaaaagag 900  
20 gctcttcaac agccccagtt atcctggccc catgaccgtg gccacagccc tgetccagca 960  
gcacttgcgc attccttaca ccccttcccc atcctgctcc gcttcatgtc cctcctgag 1020  
tagtcatgtg ataataaact ctcatgttat tgttcccaaa aaa 1063

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

25

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 472 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

cggtcgagg cggcgcgatg gcggcggggc tggcgcggct cctgttgctc ctgcggctct 60  
cgcccgggcg gccgcgcgcc gcaggtgcag cgaagatgaa ggtgggtggag gagcccaacg 120  
50 cgtttggggt gaacaaccgc ttcttgctc aggccagtgc cctccaggcc aagagggatc 180  
cttcaaccgt gtctggaccg gtgcactctc tccgactctc gggcaagtgc ttcagcctgg 240  
tggagtccac gtacaagtat gagttctgcc cgttccacaa cgtgaccag cacgagcaga 300  
ccttccgctg gaacgcctac agtgggatcc tcggcatctg gcacgagtgg gagatcgcca 360  
acaacacctt cacgggcatg tggatgaggg acgggtgacga ctgccgttcc cggagccggc 420  
55 agagcaaggt ggagctggcg tgtgcgagcc cgagcaactg cgtctaagggt gt 472

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2568 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

```

25  catctctctg cagtgccttc ctgcctgtg cagcccgccg acccacaggc tcacctctcc 60
    tgcgggctgc cagaagcccc ctccagcagg gcctctctcc gtggccccag cttcactctc 120
    tccctcagca catgccctgc tggaggcccc agccctccgt ggacagcagg ggccacgtgg 180
    agcccgggcc gctcaccgac gaccagtgct tggccgcctt cttggtgcca aaccccttc 240
    cccacccag agactgggca gctgtgtctg gttcgttctt tgcactaacc acatttgta 300
30  tctctagggc aggtggggc tgcgggtga gggggaccgc tggcaccccc ctccctctcc 360
    ttcttggttc ctttccatc catgacaggt acagcatccc aggagcccg cctgaggggc 420
    tggacccgag cgggctgtga acatccctca gcccctgctg tcccccttg ggactaacca 480
    ctaacctcac ccccaaactc cacgggtgcc cctagctggc ccagagccgg cagtgtgagc 540
    ccaagtccgg gctggagccg aggcgggagc agctgtctgg gactcaaggc tgcagtagcg 600
35  tttcttcatt ggggtgctca ggggttgcca cagaccgaca ggcagcccaa gggcctggac 660
    accctcccc aggcaggtgc tgcaccagga ggactgtcct cgggaatgaa cctcccgccg 720
    gctttggact gaggtccctg tggcctcggt ctccctccca tgaagtggga gcgaggctcc 780
    ccaatggtgc ttttggttt agtgtacgat gtttgetgtg ctcccgccg tggagggcag 840
    agccacccca catcaggatc ggacgtgcta cccctcccg tcccgccct ggccagcca 900
40  gccagccct cgaggctcga tgctgtgccc aaggccaggg gcagccagag ggcagctgga 960
    tggccacgtg caggggtcaa ggctgggccc tgacgtgggg cgggcccga gcccagcag 1020
    tttacagacg catggtctct cctccagag cagccggcag ctacctggac cggaaatgtc 1080
    ctcatccct ccctggggcc aggtctctgc ctggccttcc tctgtgaacc cctcctttct 1140
    ttgtgctggt gctggggacc aaaaaggggg aatatgggag ggcagagtgg ggaggggagt 1200
45  ccatgggctt ggggccccaa gccggggcgt ctgagctccc caggcatgac caaacctcag 1260
    tggaggggct tctgcttcag gcccgcctg gctgacattc tgagccccc tcggaggccc 1320
    cgccacagcc aacctgcccc gtctttcttc tgggcttgac ccgccaggga gttctccagg 1380
    cctagggcca ggagagaggc cctggcacc tggcggtggg gcccgccaaa cgccctgcga 1440
    ccgctcagaa gcacaaatgc tgtccatggc cgtgaggctg cctgccaggt gaattggacat 1500
50  agcgtgagag gcggtgaggc cagggtcttc agcctcgtgc tgtctcgga ctcctgaccg 1560
    tgggtgtgct gttgtgccgt ctgtgacttt ctactacca aggttgaaga aaggaaacgg 1620
    ggaaaatcaa aagggttca aacccacct cagtagggtg aggggagcgc ctgccattgg 1680
    ttgtattttt gttctgagtt ttcggtgccg tgttctaac tactccatc catgacctcg 1740
    ccacacctac tggggcatct ggctgggtgc tgctgccatg gccagcccc actctacccc 1800
55  tgcacagggg gtcttgacgc cccagggccc acagcctcgt tgggaggaca ggggtggcct 1860
    ggggacaaga gggaggagcc caggggctta cctcactgag agtgctcccc agcaggcata 1920
    cactacccca gggcccccca catgtcatgg caaggttggg agtgaatggg cctgggttgg 1980
    agcagccctt ggccattgac ccaccaccc atctcactat gcaattcgag ttccaagcaa 2040

```

catttgctcc tgccctgggg ccagctctgc ccagccctg agaggggtgg tgaggcagcc2100  
 ccctggaccc cagaacccca gacaaggggg caggcggggg accagggcct ctectgtggg2160  
 atctttgttt tgtgtttaac cataatggtt gtgtactgaa ccacttcata ttgttatat2220  
 5 ataatatata tatatataat ctcccttaaga ctccagctcc tggtttacc cccggcctg2280  
 ggcacatgac ctccccacc ccagtgtgat ttaacatcca ggaactgagg cctgaaccat2340  
 ttgtcatttc cccctctctc agcctctgta gggccatggc tgtatgtact gtcgctgtgt2400  
 tttttgttt ttttagaact gggtttgggg gctgattttt atttctttgg gggctttttt2460  
 tcttggaata tactaaaaat ctctcaatg taatttctgt ggtttctatt cagcttgggt2520  
 10 ttcattgtttt aaaataaatt ttaaaaagca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2568

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 239 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

35 cgcgatggcg gcggggctgg cgcggtctct gttgctctc gggctctcgg ccggcggggcc 60  
 cgcgccggca ggtgcagcga agatgaaggt ggtggaggag cccaacgcgt ttgggtgagc120  
 agcctcgcgg gctggcggct cgagcggggg acggcccggg ccggttcccc gctgaccttg180  
 ccgcttcccc taggtggaac aaccggttct tgctcaggc cagtcgcctc caggccaag 239

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 482 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## 5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

10 ctccaagctt ggccctggcca acaactcggtt ggcagaatga tcacctccgt tgtttcaggt 60  
actctgtgtt tatttatgca acagttcatg taaaatggag acgaggccag aagaatcctt120  
gagcagacag agccagttgg gcctcctaag tgaccttaac cttgcttgat ttgcaagcat180  
gtctgaaact ttatttgtgg tatttcttgt aaatgcctat gttaaagaaa cacagaactt240  
aagctcaacc aatcagaagc agccaacaaa aacgtaatta gtaactagga cttcctcatg300  
15 ggatagacca aataaggcaa ctgtataact gtgtaactgt ataactgtaa ccaatgaaat360  
attatctttg cttttatcta ttgttcctaa aaagcctcct cctcatgttc tctctgggga420  
gctccctagc cacttctgga tcactgtcca aataaactct taaatatttt aaaaaaaaaa480  
aa 482

## 20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 641 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## 35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

45 gagagcagta ggtgttagca gcttggctgc gacaggggag ctaggtagag cgccgggacc 60  
tgtgacaggg ctggtagcag cgcagaggaa aggcggcttt tagccaggta ttccagtgtc120  
tgtagacaag atggaatcat ctccatttaa tagacggcaa tggacctcac tatcattgag180  
ggtaacagcc aaagaacttt ctcttgtcaa caagaacaag tcatcggcta ttgtggaaat240  
attctccaag taccagaaaag cagctgaaga acaaacatg gagaagaaga gaagtaacac300  
cgaaaatctc tcccagcact ttagaaaagg gaccctgact gtgttaaaga agaagtggga360  
50 gaaccacagg ctgggagcag agtctcacac agactctcta cggaacagca gcactgagat420  
taggcacaga gcagaccatc ctctgtctga agtgacaagc cacgctgctt ctggagccaa480  
agctgaccaa gaagaacaaa tccacccag atctagactc aggtcacctc ctgaagccct540  
cgttcagggt cgatatcccc acatcaagga cggtaggat cttaaagacc actcaacaga600  
aagtaaaaaa atggaaaatt gtctaggaga atccaggcat g 641

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 381 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

25 aagttgatga cctacgctct tacttctgct tgccaggagt aactgaaagc aaacaccaca 60  
gtctgttggt tattagcttt taaaggcttg tcaacattcc ttgttaacaa tttctttttg120  
ggtagccttt tataaaatgc gtaggtgatg agtgatccag cagacaaggc ggctcgagcc180  
gatcgggctc gagcggctcg aggtaaaaga aaaaaaatg tggaggaaaa catggcctac240  
tcagctttga tggaaagtggc tggttactgc ttaatagaga gaatgctttg gaatcctatg300  
30 ttgaaaataa aaagtgtttg gttgtgcagt tatgcggtca tggtcattcc cagacagttg360  
gctaagggtt agtggtcctc t 381

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

- 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1539 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- 50 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

```

5  ctggggacag gaagccctg taccattatg gtcggggcat gaatcccgt gacaaaccag 60
   cctgggcccg agaggtaaaa gagagaacaa ggatgaacaa gcagcagaac tctcccttgg 120
   ccaagagcaa gccaggcagc acggggcctg agccccccag cccccaggcc tccccagggc 180
   ccccaggcct cccctgggce cccaaaccct accacaaatt catggccttc aagtcctttg 240
   ccgacctccc ccaccgccct ctgctggtcg acctgacagt agaggagggg cagcggctca 300
   aggtcatcta tggctccagt gctggcttcc atgctgtgga tgtcgactcg gggaaacagt 360
10  atgacatcta catccctgtg cacatccaga gccagatcac gccccatgcc atcatcttcc 420
   tccccaacac cgacggcatg gagatgctgc tgtgctacga ggacgagggt gtctacgtca 480
   acacgtacgg gcgcatcatt aaggatgtgg tgcgtcagt gggggagatg cctacttctg 540
   tggcctacat ctgctccaac cagataatgg gctgggggtga gaaagccatt gagatccgt 600
   ctgtggagac gggccacctc gacggggtct tcatgcacaa acgagctcag aggtcaagt 660
15  tctgtgtgta gcggaatgac aaggtgtttt ttgcctcagt ccgctctggg ggcagcagcc 720
   aagtttactt catgactctg aaccgtaact gcacatgaa ctggtgacgg ggccctgggc 780
   tgggctgtgc ccacactgga cccagctctc cccctgcagc caggcttccc gggccgcccc 840
   tctttccctt ccttgggctt ttgcttttac tggtttgatt tcaactggagc ctgctgggaa 900
   cgtgacctct gaccctgat gcttctgtga tcacgtgacc atcctcttcc ccaacatgtc 960
20  ctcttcccaa aactgtgctt gtcccagct tctggggagg gacacagctt ccccttccca1020
   ggaattgagt gggcctagcc cctccccctt tttctccatt tgagaggaga gtgctgggg1080
   cttgaacccc ttacccact gctgctgact gggcagggcc ctggaccctt ttatttgcac1140
   gtcaggggag ccggtcccc ccttgaatgt accagacctt ggggggggtc actgggccc1200
   agatttttgg ggggtcacca gccactccag ggcagggac catttcttca tttctgaa1260
25  gcactttaat gattccccctg ccccaaaact ccagggaatg gaggggggag cccgccagcc1320
   aaaacatgcc cccattccg gacccccctc tctcttcta gcccatgccc tccccgggtg1380
   gagggaggga gcaggagcc ctactctcc acgcccctt ctgcatccg catatagtgt1440
   gagcagcaag taacccttct cctccttccc cagtcacccc tcctcaatgt agtggccttg1500
   aattgtcttt attaacaaac aggatatcca aggtcgagc 1539
30

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2195 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

```

55  gctccgagga aggcctgtgg gagtctcgga gacgtgtctg tctgtgaggc gctgggtgca 60
   cgtccccagg gctctgggct aggaaggcag cggcgagggt cctccccacg taccctcgc 120
   gggcccagcc gagcaacgtg gggcgaaggc ggcggcgaag gcccgggctg ggagcgttgg 180

```

```

cgcccgaggat cccagccatg gccgaggtctg tggagcgccct gcagcagcgg gtccaggagc 240
tggagcggga acttgcccag gagaggagtc tgcaggtccc gaggagcggc gacggagggg 300
gcccgcgggt ccgcatcgag aagatgagct cagaggtggg ggattcgaat ccctacagcc 360
gcttgatggc attgaaacga atgggaattg taagcgacta tgagaaaatc cgtacctttg 420
5 cctagcaat agtaggtgtt ggtggagtag gtagtgtgac tgctgaaatg ctgacaagat 480
gtggcattgg taagttgcta ctctttgatt atgacaaggt ggaactagcc aatatgaata 540
gacttttctt ccaacctcat caagcaggat taagttaaagt tcaagcagca gaacatactc 600
tgaggaacat taatcctgat gttctttttg aagtacacaa ctataatata accacagtgg 660
aaaactttca acatttcatg gatagaataa gtaatggtgg gttagaagaa ggaaaacctg 720
10 ttgatctagt tcttagctgt gtggacaatt ttgaagctcg aatgacaata aatacagctt 780
gtaatgaact tggacaaaca tggatggaat ctggggtcag tgaatatgca gtttcagggc 840
atatacagct tataattcct ggagaatctg cttgttttgc gtgtgctcca ccactgttag 900
ttgctgcaaa tattgatgaa aagactctga aacgagaagg tgtttgtgca gccagtcttc 960
ctaccactat ggggtgtggt gctgggactc tagtacaata cgtgttaaag tttctgttaa1020
15 attttggtac tgtagtttt taccttggat acaatgcaat gcaggatttt ttctactacta1080
tgtccatgaa gccaaatcct cagtgtgat acagaaattg caggaagcag caggaggaat1140
ataagaaaaa ggtagcagca ctgcctaaac aagagggttat acaagaagag gaagagataa1200
tccatgaaga taatgaatgg ggtattgagc tggatatctg ggtttcagaa gaggaactga1260
aaaatttttc aggtccagtt ccagacttac ctgaaggaat tacagtggca tacacaattc1320
20 caaaaaagca agaagattct gtacttgagt taacagtgga agattctggt gaaagcttgg1380
aagacctcat ggccaaaatg aagaatatgt agataatgga ctgggatata ttgtatttct1440
catgttaaag cctcttccct tgaaattaaa aaaaaatttt aactgataaa acttagggca1500
acattaatta atgtatatct ttacctgaat tgttatactt tttgaaaatc ctgtgacttg1560
cctgtttctc cccgctccaa cgaaatcatt aactctccta aaatgtgttt cattctagta1620
25 agaaaacctc aaaggatatt gtaggatata aatcttactt gaaaacatag ctgttgaaat1680
gttttggcct tttggagtggt gggaaggaca aatctgatcc tgtaatcttt ttctttccag1740
taatcccttg tgtctgttgc atgaggacat ggacaataaa gtagtatatg atcctcagat1800
acaggagaaa ggacaaggca tacagcttat tgattagagc tggcaagcat ctgctcatta1860
tgtttggaaat tgctttctat aagaaaattg cccactacta ctaacttgat caacaatgaa1920
30 ttcaaaatag ttaacctatg aaataacatc ctctcaaatg tttgctgatg aagtacaagt1980
tgaaatgtag ttattggaaa agtctgtaac ctgtggatca tatatatcca aagtgagaca2040
aaggcaaaata aaaagcagct attttcatga atagaaaaaa aaaaaatttc aggaagtata2100
aatttatattc tgcaccgaac aaggaacaga aattattgca tctgtggaag catatatctg2160
ggagttacta ttactttact ggaagggcca agggc 2195

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 1409 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## 55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

```

5  ttttgctgtc cttttttaaa ggattccaag ccatgtgaaa ttcccttctg gatgtgattc 60
   tgggtcgcaa gtccttattt atatgtgagg ctggggaatg ggctgggggt attggcagtc 120
   cttttgcagg gcagtgtgtg tgggtgggtg acaccgctgt ggcttagccc aagacactcc 180
   cagaggaaaa cactgcagaa ggaactggtt tgcagactgt ggaaggatct gcagttttgt 240
   ttttgaccaa aaaaataata ataagtttag tctgaagggc agagggaata cccaagcccc 300
   tgatgcctat gagaagtccc tggacttcaa ccctcctgtt gtttggcctt agcccagagg 360
   gagctgctca cctgagcacc cttgggggtg ggcagagagg cagggtggga ttttagagtt 420
10 agtgtctgtg cgggggcagc cctgagcctg gatttgagac ttgggggtct cttagtttgg 480
   aggtgttgag tgcatttgtg cccctgctg gttgagagct tcttggtagc tcttgccacc 540
   ccttctcact gccctgaccc aacccactg gaccttgatg ctgagaggag tgggtgcctg 600
   acggactcag cactcccgc tgatgtattg gatcatagga gagcacttgc tctcctgcct 660
   ctgccaggag agggcttgtt cctccaactc taggaggcca ggcaagcatg gacaggagcc 720
15 aaggaggcag ggtcattaac tttttcttct ttgcaaagtg ggcacttggc atcagggtcc 780
   caatcaccag aaagcaccaa agcccctggc accccaccca ctccatccta cccagggacc 840
   ccaagtaggc aactgttatg gcagtgggtc cagcccaggc cagcactgcc agcctcctct 900
   ccctgcagta ggcaccagct ctacctccc cggcaggcaa tgcctggct tctcagccca 960
   gcaccatctg ttccctaga cttctcaggg gccagcccag tctgggccac cctttgtttc1020
20 cctcatcctc ggctcccaca caggtgacag acccagcaga tagcttctct ctgggaaagg1080
   ttggatgctg ccttacatcc ccttctagcc ctccctccat ccacacacac aggcacccac1140
   ccacaccagg tcggcttgtt tctcacatgt agggagagag gggagaccaa cccctttgtg1200
   tcttttgaat tacgaagaaa aatgtgtgtt caggagcatg actccagtgc tgcgtcttgc1260
   ggcttagttc agtctgtctt gtctcaaatc taggcatttt tgcttcaatt ttattttttt1320
25 taaaacattt ttttggtgtt cccgttggtt ttggaataat ttggctaaca ttggtaaaag1380
   gtaagggggt taaaataata ggtaatttt
                                     1409

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1084 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

- 40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```

55 ggaatcttta agcaatcata cggggaaaaa gggcccatca ccttcaaagg agccacaatt 60
   agactcctca acagacatga ttgaggctgg aagataaggg aatggatatc tcttcaaagc 120
   cgaaagaata ggaccacacc tgccaggatt tgggtgttta aatataaatc tgatcacccc 180
   cctgcttaga acccttctgc tttctattac ccctcattha aaatgtaaac tcttcacctt 240
   ggtttatgag aactggttct tgccttcccc ttgaacctca ttaaagtgtg atttcttgct 300
   aagctccagc ccgagtggtc tcctctcage ttctaatttt gtgctctttc ctgccccttt 360

```



cctgggctt ctcagctct caccaccacc actcttgact caggtggtgt ccttcttct 420  
 caagtcttga caattcccgg gcccttcagt ccctgagcag tctacttctg tgtctgtcac 480  
 cacatcttgt cttttccctt cattgcattt attgcagttt atatatatgc tacttttact 540  
 tgttcatttc tgtctccct accaggtgtt aaatgagggc agaaaccttg tttgttttat 600  
 5 tcaccatcat gtaccaagtg cttggcacat agtgggcctt cattaaatgt ttgttgaata 660  
 aaagaggga gaaggcaagc caaccttagc tacaatccta ccttttgata aaatgttctt 720  
 tttgacaata tacacggatt attatttgta ctttgtttt ccatgtgtt tgcttttatt 780  
 cactggcatt ttttagctct tgaagacata tcatgtgtga gataacttcc ttcacatctc 840  
 ccatggctcc tagcaaatg ctaggcctgt agtagtcaag gtgctcaata aatatttggt 900  
 10 tgggtggtt gtgagcctt ctgccaagtc ctgaccttgg gtcgacatag tatggaagta 960  
 tttgagagag agaaccttcc cactcccact gccaggattt tgtattgcca tcgggtgccal1020  
 aataaatgct catatttatt aaacaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1080  
 aaaa 1084

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2860 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 20 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

tcctggctga ttcttttctt ggcagttccc cttatgaggg ttacaactat ggctcctttg 60  
 40 agaatgtttc tggatctacc gatggtcttg ttgacagcgc tggcactggg gacctctctg 120  
 acggttacca gggccgctcc tttgaaccgg taggtactcg gccccgagtg gactccatga 180  
 gctctgtgga ggaggtgac tacgacacat tgaccgacat cgattccgac aagaatgtca 240  
 ttgcgaccaa gcaataacct tatgtggctg acctggcacg gaaggacaag cgtgttctgc 300  
 ggaaaaagta ccagatctac ttctggaaca ttgccaccat tgcgtctctc tatgcccttc 360  
 45 ctgtggtgca gctggtgatc acctaccaga cgggtggtgaa tgtcacaggg aatcaggaca 420  
 tctgctacta caacttcttc tgcgccacc cactgggcaa tctcagcgcc ttcaacaaca 480  
 tcctcagcaa cctggggtag atcctgctgg ggctgctttt cctgctcatc atcctgcaac 540  
 gggagatcaa ccacaaccgg gccctgctgc gcaatgacct ctgtgccctg gaatgtggga 600  
 tccccaaaca ctttgggctt ttctacgcca tgggcacagc cctgatgatg gaggggctgc 660  
 50 tcagtgtctg cgatcatgtg tgcccccaat ataccaattt ccagtttgac acatcgttca 720  
 tgtacatgat gcgcggactc tgcatgtcga agctctacca gaagcggcac cgggacatca 780  
 acgccagcgc ctacagtgcc tacgcctgcc tggccattgt catcttcttc tctgtgctgc 840  
 gcgtggtctt tggcaaaggg aacacggcgt tctggatcgt cttctccatc attcacatca 900  
 tcgccaccct gctcctcagc acgcagctct attacatggg ccggtggaaa ctggactcgg 960  
 55 ggatcttccg ccgcatcttc cactgctctc acacagactg catccggcag tgcagcgggc1020  
 cgctctacgt ggaccgcatg gtgctgctgg tcatgggcaa cgtcatcaac tggctcgtgg1080  
 ctgcctatgg gcttatcatg cgccccaatg atttcgcttc ctacttggtg gccattggcal1140

5 tctgcaacct gctcctttac ttcgccttct acatcatcat gaagctccgg agtggggaga1200  
 ggatcaagct catccccctg ctctgcacgt tttgcacctc cgtgggtctgg ggcttcgcgc1260  
 tcttcttctt ctccagggga ctcagcacct ggcagaaaac cctgcagag tcgagggagc1320  
 acaaccggga ctgcatectc ctgcacttct ttgacgacca cgacatctgg cacttcctct1380  
 10 cctccatcgc catgttcggg tcttctctgg tgttgctgac actggatgac gacctggata1440  
 ctgtgcagcg ggacaagatc tatgtcttct agcaggagct gggcccttcg cttcacctca1500  
 aggggcccctg agctcctttg tgtcatagac cggtcactct gtcgtgctgt ggggatgagt1560  
 cccagcaccg ctgccagca ctggatggca gcaggacagc cagggtctagc ttaggcttgg1620  
 cctgggacag ccatggggtg gcatggaacc ttgcagctgc cctctgccga ggagcaggcc1680  
 15 tgcctcccctg ggacccccag atgttgcca aattgctgct ttcttctcag tgttggggcc1740  
 ttccatgggc cctgtcctt tggctctcca tttgtccctt tgcaagagga aggatggaag1800  
 ggacaccctc cccatttcat gccttgcat ttgccctgcc tctcccccac aatgccccag1860  
 cctgggacct aaggcctctt tttcctcca tactccact ccagggccta gtctggggcc1920  
 tgaatctctg tctgtatca gggccccagt tctctttggg ctgtccctgg ctgccatcac1980  
 20 tgcccattcc agtcagccag gatggatggg ggtatgagat tttgggggtt ggccagctgg2040  
 tgccagactt ttggtgctaa ggcctgcaag gggcctgggg cagtgcgtat tctcttccct2100  
 ctgacctgtg ctgaggctg gctctttagc aatgcgctca gcccaatttg agaaccgct2160  
 tctgattcaa gaggtgaat tcagaggtca cctcttcac ccacagctc ccagactgat2220  
 gccagacca ggactggagg gagaagcgc tcacccctc ccttccttct ttccaggccc2280  
 25 ttagtcttgc caaaccocag ctggtggcct ttcagtgcc ttgacactgc ccaagaatgt2340  
 ccaggggcaa aggagggatg atacagagt cagcccgctc tgccctcata gctgtgggca2400  
 cccagtgcc taccttagaa aggggcttca ggaaggatg tgctgtttcc ctctacgtgc2460  
 ccagtcttag cctcgtctca ggaccaggg ctggcttcta agttccgctc cagtcttcag2520  
 gcaagttctg tgttagtcat gcacacacat acctatgaaa ccttggagtt tacaagaat2580  
 30 tgcccagct ctgggcacc tggccaccct ggtccttggg tccccttcgt cccacctggt2640  
 ccacccagga tgcagagat gggggagctc aggcggggcc tctgctttgg ggatgggaat2700  
 gtgtttttct cccaaacttg tttttatagc tctgcttgaa gggctgggag atgaggtggg2760  
 tctggatctt ttctcagagc gtctccatgc tatggttgca tttccggttt ctatgaatga2820  
 atttgcatcc aataacaac cagactcaga taaaaaaaaa 2860

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 2137 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

55 gtcgcttttc gtctccgtcc tgcgtccgtt accgcccgtg ctgccgccgc ttgcgtcccc 60  
 cgctccggtc tgtgggtcag ccgggaccca ggaccatgtc tctgtctcgc tcagaggaga 120  
 tgcaccggct caccgaaaat gtctataaga ccatcatgga gcagttcaac cctagcctcc 180

```

ggaacttcat cgccatgggg aagaattacg agaaggcact ggcaggtgtg acgtatgcag 240
ccaaaggcta ctttgacgcc ctggtgaaga tgggggagct ggccagcgag agccagggct 300
ccaaagaact cggagacgtt ctcttccaga tggctgaagt ccacaggcag atccagaatc 360
agctggaaga aatgctgaag tcttttcaca acgagctgct tacgcagctg gagcagaagg 420
5 tggagctgga ctccaggat ctgagtgtct cgctgaagaa ataccagact gagcaaagga 480
gcaaaggcga cgccctggac aagtgtcagg ctgagctgaa gaagcttcgg aagaagagcc 540
agggcagcaa gaatcctcag aagtactcgg acaaggagct gcagtacatc gacgccatca 600
gcaacaagca gggcgagctg gagaattacg tgtccgacgg ctacaagacc gcactgacag 660
aggagcgagc ggcgttctgc ttcttggtgg agaagcagtg cgccgtggcc aagaactccg 720
10 cggcctacca ctccaagggc aaggagctgc tggcgagaa gctgcccgtg tggcaacagg 780
cctgtgccga ccccagcaag atcccgagc gcgcggtgca gctcatgcag cagggtggcca 840
gcaacggcgc caccctcccc agcgccctgt cgccctccaa gtccaacctg gtcatttccg 900
accccatctc gggggccaag cccttgccgg tgcctcccca gctggcaccg ttcgtggggc 960
ggatgtctgc ccaggagagc acacccatca tgaacggcgt cacaggcccc gatggcgagg 1020
15 actacagccc gtgggtgac cgcaaggctc ccagcccaa atccctgtct cctccgcagt 1080
ctcagagcaa gctcagcagc tctactcca acacactccc cgtgcgcaag agcgtgacct 1140
caaaaaacag ctatgccacc accgagaaca agactctgcc tcgctcgagc tccatggcag 1200
ccggcctgga ggcgaatggc cgtatgcccg tgaaggccat cttctccacc gctgctgggg 1260
acaacagcac cctcctgagc ttcaaggagg gtgacctcat taccctgctg gtgcctgagg 1320
20 ccgcgatgg ctggcactac ggagagagtg agaagaccaa gatgcggggc tggtttccct 1380
tctcctacac ccgggtcttg gacagcgatg gcagtgcag gctgcacatg agcctgcagc 1440
aagggaagag cagcagcacg ggcaacctcc tggacaagga cgacctggcc atcccacccc 1500
ccgattacgg cgccgcctcc cgggccttcc ccgcccagac ggccagcgcc ttcaagcaga 1560
ggccctacag tgtggcctg cccgccttct cccagggcct ggatgactat ggagcgcggt 1620
25 ccctgtgccc acgtccagct gaagccgaca gtgaccaacg acaggtctgc cccctcctc 1740
agctgatggc cacatctgca gtgctgcccc tctggtggct tcccccgccc tcccatgta 1800
gcctgttctg tcatcatctg tgcgttctct gtagagaac atccaggccc cggctgctg 1860
gtcttgcccc acttgagtct ggcttgact ggatcccagc tgttctaggc agggccgggc 1920
30 agagtggggc gcaggccct gaagggcgag acccagtgcc tgggctgccc agggctgagg 1980
ggccgcctct tgagggtaca cgctctgtgt cacatggcca tggagccttg ggtaccctg 2040
agttaaggga ggacatttg ccagctggtg gctgggagg gagcctggct gcctgctgc 2100
ttctcctgcc taataaacag gcttctcctg caaaaaa 2137

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 2410 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

```

5  ttgagcagac acaggtgcag gcagtgggtga ctctacaggc cctgctattc cgggcccttt 60
   tgcaacgttg tggcaacaat aaaattttga cgtagccatc ctccatttgg aagtctgggtg 120
   gctggtttgc cgtggaaatg accctgtttt tatttccaga attacctctg ggtttagaga 180
10 agtggttttt aaacgagtgt gggtaaaaaa aattacctga ggtacttgtc agagtgcag 240
   acttctaggt cccaccagc tctcatcaat cagttagtg aggggtgtgc ccaggactct 300
   gattttaaac ataccctag aaagattctg atacaggtag aggtgagaag ccctggttta 360
   gaggcagctc ggcctccctt catggtggga ccagggccag cagggaatgt cagggccacc 420
   cctgaccttc actgtgactt ctggcttgca aggggtggcc cgggaggaga tgggtggagg 480
15 agctcaacag cgggaaggtg atgtacgcct tctgcagagt gaaggacccc aactctggac 540
   tgcccaaatt tgtctctatc aactggacag gcgagggcgt gaacgatgtg cggaaaggag 600
   cctgtgccag ccacgtcagc accatggcca gcttctgaa gggggcccat gtgaccatca 660
   acgcacgggc cgaggaggat gtggagcctg agtgcacat ggagaaggtg gccaaaggctt 720
   caggtgccaa ctacagcttt cacaaggaga gtggccgctt ccaggacgtg ggacccagc 780
20 cccagtgagg ctctgtgtac cagaagacca atgccgtgtc tgagattaaa agggtttgga 840
   aagacagctt ctgggccaaa gcagagaagg aggaggagaa ccgtcggctg gaggaaaagc 900
   ggcggggcca ggaggcacag cggcagtgga gcaggagcgc cgggagcgtg agtgcgtgag 960
   gctgcacgcc gggagcagcg ctatcaggag cagggtggcg aggccagccc ccaggagacg1020
   tgggagcagc agcaagaagt ggtttcaagg aaccgaaatg agcaggagtc tgccgtgcac1080
25 ccgagggaga ttttcaagca gaaggagagg gccatgtcca ccacctccat ctccagtcct1140
   cagcctggca agctgaggag ccccttccctg cagaagcagc tcacccaacc agagaccac1200
   tttggcagag agccagctgc tgccatctca agggccaggg cagatctccc tgctgaggag1260
   ccggcgcccc gcaactcctc atgtctggtg caggcagaag aggaggctgt gtatgaggaa1320
   cctccagagc aggagacctt ctacgagcag cccccactgg tgcagcagca aggtgctggc1380
30 tctgagcaca ttgaccacca cattcagggc caggggctca gtgggcaagg gctctgtgcc1440
   cgtgccctgt acgactacca ggcagccgac gacacagaga tctcctttga ccccgagaac1500
   ctcatcacgg gcactcgaggt gatcgacgaa ggctgggtggc gtggctatgg gccggatggc1560
   cattttgcca tgttccctgc caactacgtg gagctcattg agtgaggctg agggcacatc1620
   ttgcccttcc cctctcagac atggcttccct tattgctgga agaggaggcc tgggagttga1680
35 cattcagcac tcttccagga ataggacccc cagtggaggat gaggcctcag ggctccctcc1740
   ggcttggcag actcagcctg tcaccccaaa tgcagcaatg gcctgggtgat tcccacacat1800
   ccttccctgca tcccccgacc ctcccagaca gcttggctct tgcccctgac aggatactga1860
   gccaaagccct gcctgtggcc aagccctgag tggccactgc caagctgcgg ggaagggtcc1920
   tgagcagggg catctgggag gctctggctg ccttctgcat ttatttgcct ttttctttt1980
40 tctcttgctt ctaaggggtg gtggccacca ctgttttaga tgacccttgg gaacagtga2040
   cgtagagaat tgtttttagc agagtttgtg accaaagtca gagtggatca tgggtggttg2100
   gcagcagggg atttgtcttg ttggagcctg ctctgtgctc cccactccat ttctctgtcc2160
   ctctgcctgg gctatgggaa gtggggatgc agatggccaa gctcccaccc tgggtattca2220
   aaaacggcag acacaacatg ttccctccacg cggctcactc gatgcctgca ggccccagtg2280
45 tgtgcctcaa ctgattctga cttcaggaaa agtaacacag agtggccttg gcctgttgct2340
   ttcccttatt ttctgtccca gctcatccgt gtctctgaag aacaaatatg cttttggacc2400
   aaaaaaaaaa

```

2410

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

45

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2333 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

```

10  tgaaaaatgc ggacagtata ttcagaaagg ctattccaag ctcaagatat ataattgtga 60
    actagaaaaat gtagcagaat ttgagggcct gacagacttc tcagatacgt tcaagttgta 120
    ccgaggcaag tcggatgaaa atgaagatcc ttctgtggtt ggagagttaa agggctcctt 180
    tcggatctac cctctgccgg atgaccccag cgtgccagcc cctcccagac agtttcggga 240
    attacctgac agcgtcccac aggaatgcac ggtaggatt tacattgttc gaggttaga 300
    gctccagccc caggacaaca atggcctgtg tgacccttac ataaaaataa cactgggcaa 360
15  aaaagtcatt gaagaccgag atcactacat tcccaacact ctcaaccag tctttggcag 420
    gatgtacgaa ctgagctgct acttacctca agaaaaagac ctgaaaattt ctgtctatga 480
    ttatgacacc tttaccggg atgaaaaagt aggagaaaca attattgatc tggaaaaccg 540
    attcctttcc cgctttgggt cccactgcgg cataccagag gagtactgtg tttctggagt 600
    caatacctgg cgagatcaac tgagaccac acagctgctt caaaatgtcg ccagattcaa 660
20  aggcttccca caaccatcc tttccgaaga tgggagtaga atcagatatg gaggacgaga 720
    ctacagcttg gatgaatttg aagccaaca aatcctgcac cagcacctcg gggccctga 780
    agagcggtt gctcttcaca tcctcaggac tcaggggctg gtccctgagc acgtggaaac 840
    aaggacttg cacagcacct tccagcccaa catttcccag ggaaaacttc agatgtgggt 900
    ggatgttttc cccaagagt tggggccacc aggccctcct ttcaacatca caccocgga 960
25  agccaagaaa tactacctgc gtgtgatcat ctggaacacc aaggacgta tcttggacga1020
    gaaaagcatc acaggagagg aaatgagtga catctacgtc aaaggctgga ttcctggca1080
    tgaagaaaac aaacagaaaa cagatgtcca ttacagatct ttggatggtg aagggaattt1140
    taactggcga tttgttttcc cgtttgacta ctttccagcc gaacaactct gtatcgttgc1200
    gaaaaaagag catttctgga gtattgacca aacggaattt cgaatcccac ccaggctgat1260
30  cattcagata tgggacaatg acaagttttc tctggatgac tacttgggtt tcctagaact1320
    tgacttgctg cacacgatca ttcctgcaaa atcaccagag aaatgcaggt tggacatgat1380
    tccggacctc aaagccatga acccccttaa agccaagaca gcctccctct ttgagcagaa1440
    gtccatgaaa ggatgggtgc catgctacgc agagaaagat ggcgcccgcg taatggctgg1500
    gaaagtggag atgacattgg aaatcctcaa cgagaaggag gccgacgaga ggccagccgg1560
35  gaaggggcgg gacgaaccca acatgaaccc caagctggac ttaccaaatac gaccagaaac1620
    ctcccttctc tggttcacca acccatgcaa gaccatgaag ttcacgtgtg ggcgccgctt1680
    taagtgggtc atcatcggtc tgctgttcc tcttatcctg ctgctcttcg tggccgtgct1740
    cctctactct ttgccgaact atttgtcaat gaagattgta aagccaaatg tgtaacaaag1800
    gcaaaggctt catttcaaga gtcattccagc aatgagagaa tcctgcctct gtagaccaac1860
40  atccagtgtg attttgtgtc tgagaccaca cccagtagc aggttacgcc atgtcaccga1920
    gccccattga tcccagagg gtcttagtcc tggaaagtca ggccaacaag caacgtttgc1980
    atcatgttat ctcttaagta taaaagtgt tattttctaa agtttaaatac atgtttttca2040
    aaatattttt caaggtggct ggttccattt aaaaatcatc tttttatatg tgtcttcggt2100
    tctagacttc agcttttgga aattgttaa tagaattcaa aaatctctgc atcctgaggt2160
45  gatatacttc atatttgtaa tcaactgaaa gagctgtgca ttataaaatac agttagaata2220
    gttagaacaa ttcttattta tgcccacaac cattgtctata ttttgtatgg atgtcataaa2280
    agtctattta acctctgtaa tgaaactaaa taaaaatgtt tcacctttaa aac 2333

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1612 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

```
15  gtctctctttt tttctctttt tttttttttt tttttttttt cctgtggaag tgctttttatt 60
    agcagtaagg ctgatacgta aaaaaattct cagagcttca taggacaagg tagtacaagt 120
    atggatgata caggactgag gaacggggga cggctcaaaa gaaatcaaca tcgtctgggg 180
    catccagggtc ccgatattcc acaatggccc ttgggtctcc acgaaccatc ctgttgcgag 240
    gtttccagggt ataacctccc tggcctcgga aggcatacata gtccctcga ccagcccat 300
20  acggggcatg ggggtatgga gggcctcctg tggggactgc agggcggaca gcaccagctc 360
    catagcccaa gatcgggggc cgggctgac catagggcat caggccctgg ggagtctggt 420
    gtgggtagggt ggtcctgggt gtcaaacctg gggggagtat ctgggcgggc ccagggtggt 480
    gggctggtct gatctcaggt agagctgggc gcttagcatc agtgaggaag ttgttaaaaa 540
    acgcgacttc ctttttcaact tctcaattt tctctgcatg cttgttgaag atatgtttgc 600
25  gcacaaactc aggaccttg aatttcttgc cactgagagg acacagccac ttatccttgc 660
    ccagttcctg cgtgttgagg gtgacgaact tctccacttc ctgctctggg tctttgcgcc 720
    ccatcttctg ggcctcttcc tctgagagtg actccgcac actcagcaac ggcgtgagct 780
    tctctcaaaa agtcttctgc cactccagca ctcccccgtg actgatgcgg ttgggtggca 840
    tgggcccccg aacgtggatg atcccacagc gattgggcat ctgctcctcg ttggggtact 900
30  cacagggtgtt gtaataatcc aaggaatgca cgatgcgcag gtaaaggagg agcttgtcca 960
    agaccttaat caacttctca tccgctcca cgttgatctc tgccgggttc ccttcttag1020
    gaggtcctc aggaggagcg ccccgcgtgc tcccagcag ctctcctec tggcgctta1080
    cttcctcgat caggtagtgc gtgatattct tcaagatcgg gttttgcgag ggcaggctcg1140
    tgggcagggg aggcgtccct ggttctgagg cccaaagctg tgcctgtca tccagcgtgt1200
35  ggatcagctt ggccgccagc ttgatgtcgt tgcgcacaat ctgcttgtgc tgggtgatgc1260
    cgttgatgtt gcgaacgcgc cgggtcaggt ccctgttcac accagggtc agctcacact1320
    cccggagacg gatgttctgc aggttccaac agatctcttt aatgttaaca ctgcggtcga1380
    aggtcaccca gccacgacgg aaaaacctcc tctctggctg gggctctgag agcgccacct1440
    gcataaagcc tgggtacctt ttacaaaggg agatgatctc ggcccgagg atgttggggc1500
40  cgatgttgcg catgaagagg gagcaggtct tatgcagcgg ccgcggttg cactccagcc1560
    ccgcggcgctc cttgggcttc tccattctt cttccttggg cttctccttc tc 1612
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1106 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

10 gaaagctctg gctttcaggc tataggaaga gcagaagatg atgccagaag ttgctggggtt 60  
aaaaccagcg agtccacccg tccttaccag ctectcagaa ggcggagacc gacctgata 120  
acttaccgga tatttcgtca cagaagacac aaagacacat ccagcgggga ccacctcacc 180  
15 tgcagattag accccaagc caaagacctg aaggatggga ccagaggaga ggccacaaaa 240  
aggcaagaag ccctgtgga tccccgcccg gaaggagatc cgcagaggac agtcatcagc 300  
tggaggggag cgtgatcga gcctgagcag ggcaccgagc tcccttcaag aagagcagaa 360  
gtgcccacca agcctccctt gccaccggcc aggacacagg gcacaccagt gcatctgaac 420  
tategccaga agggcgtgat tgacgtcttc ctgcatgcat ggaaaggata ccgcaagttt 480  
20 gcatggggcc atgacgagct gaagcctgtg tccaggctct tcagtgaagt gtttggcctc 540  
gggtctcacac tgatcgacgc gctggacacc atgtggatct tgggtctgag gaaagaattt 600  
gaggaagcca ggaagtgggt gtcgaagaag ttacactttg aaaaggacgt ggacgtcaac 660  
ctgtttgaga gcacgatccg catcctgggg gggctcctga gtgcctacca cctgtctggg 720  
gacagcctct tcctgaggaa agctgaggat tttggaaatc ggctaatacc tgccctcaga 780  
25 acaccatcca agattcctta ctcggtatgt aacatcggtc ctggagtgtc ccaccgcca 840  
cgtgggacct ccgacagcac tgtggccgag gtgaccagca ttcagctgga gttccgggag 900  
ctctcccgtc tcacagggga taagaagttt caggaggcag tggagaaggt gacacagcac 960  
atccacggcc tgtctgggaa gaaggatggg ctgggtgcca tggtcatcaa taccacagt 1020  
gggcctgttt caccacctg gggcgtatct cagggtgggg cgccaggggc cgacagctta 1080  
30 ttattgagtt acctgtttga aaggca 1106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1370 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

```

gcggtggcga ggggcgtaac ggttggtgta gtccggcccc ctectggctg gtccagccac 60
attaaccggc aggatgtcgg aggtgcggct gccaccgcta cgcgccctgg acgactttgt 120
tctggggctg gcgcgtctgg cggctccgga tccatgcgac ccgcagcgat ggtgccaccg 180
cgtcatcaac aacctctct actaccaaac caactacctt ctctgcttcg gcatcgccct 240
5 cgctctcgcc ggggtacgtg gccacttca tacgctcctg agcgcgctgg tagtggcggt 300
ggccctcgcc gtgctggtgt gggcagctga gaccgcgca ctgtgcgcg ctgccgccg 360
agccacctg cagcctgcct ggccgcagtg cttgccgtcg gcctcctggt gctctgggtc 420
gcgggcgccg cttgcacctt cctgttcagc atgcgcgggc cgggtgcttc gatcctgggt 480
cagcctcgt tgcgcctgcg caaccttaag aacaagattg agaacaagat cgagagcatt 540
10 ggtctcaagc ggacgccaat gggcctgcta ctaggagcac tgggacaaga gcaggaggct 600
ggatcctagg cccctgggat ctgtaccag gacctggaga ataccacccc accccagcc 660
cataattggg acccagagcc ctttcccagc acttaaaaca ggagcctaga gccccctgcc 720
caaacaaaac aggacatctg tgaccgcct acccccacgc cagcccaaaa ctaagatata 780
cctcacacc agccccatt acctaggagc aagagtcttc cccagccttg aacctaggac 840
15 caagggccac ctacatccag ccccaaaact ggggcttcag gccagagcat ccatggccaa 900
tttcaaattg tgaaccaga gacactcca tccaccctc tccatgctca tccccaaact 960
ggggcctgga gcaaggcact ctcaaattt gaaccctgga ccaaagcttt tccagacccc 1020
accctacctt ccaaccagc tcaagacatt gccaaattt gaactcagaa cccaagtgtt 1080
ccatgccct gtgtggatg agtcgggtat cctgactgtt ggaccctgg tccaggtgat 1140
20 cccgaccct accagtccca ttgctctcc tccagctctg cttaggcatt ttgccctca 1200
ccccaatgtt ccacaccatc gacaaccaag gggtaggtg gggacaggcc tcagcaggga 1260
atggggcgta tatgttagt ttgtgcaac aataaagcct gttgcatctc tcatgccaaa 1320
aaaaaaaaa aagtcgaccg gccgcaaata tagtagtagt agtcgtccgc 1370

```

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 617 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

```

ctcgtagttt attaaatgat gtacaatttg gccagtttgg agatgacca aaggaggaag 60
taatggttct ggagagaatc ttactggcag accatcaagg ttgatttaca ggtagaacat 120
ccataccagt tcctactaaa atatgcaaag caactcaaag gtgataaaaa caaaattcaa 180
aagttggttc aaatggcatg gacatttcta aatgacagtc tctgcaccac cttgtcactg 240
cagtgggaac cagagatcat agcagtagca gtgatgtatc tcgcaggacg tttgtgcaaa 300
tttgaaatac agaattggac ctccaaaccc atgtatagga gatggtggga gcagtttgtt 360
55 caagatgtcc cggtcgacgt tttggaagac atctgccacc aaatcctgga tctttactca 420
caaggaaaac aacagatgcc tcatcacacc ccccatcagc tgcaacagcc cccatctcct 480
gagcctccca ccccgctgcc tgggcctgt ggttgctggg cctccacact caaggagggg 540

```



aagggtgtac agcccgaaacc cgtggagcaa tgccctgtct ggccctccaaa accaaaaataa600  
aactgggtca ctttaaaa 617

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1899 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

tgtgtgaggc ccaacagcgg aatcatcgat gcaggggcct gaattaatgt atctgtgatg 60  
ttacagcctt tcgattatga tcccaatgag aaaagtaaac acaggttatg gtccagtcta 120  
30 tggttgctcc aactgacact tcagatatgg aagcagtatg gaaggaggca aaaccggaag 180  
accttatgga ttcaaaactt agatgtgtgt ttgaattgcc agcagagaat gataaaccac 240  
atgatgtaga aataaataaa attatatcca caactgcata aaagacagaa acaccaatag 300  
tgtctaatgc tctgagttct tctttggatg acaccgaagt taagaagggt atggaagaat 360  
gtaagaggct gcaagggtgaa gtccagaggg tacggggagga gaacaagcag ttcaagggaag 420  
35 aagatggact gcggatgagg aagacagtgc agagcaacag cccattttca gcattagccc 480  
caactgggaa ggaagaaggc cttagcaccc ggctcttgcc tctggtggtt ttgttcttta 540  
tcgttggtgt aattattggg aagattgcct ttagaggta gcatgcacag gatggtaaat 600  
tggattggtg gatccaccat atcatgggat tttaatttat cataaccatg tgaataaaga 660  
aattaatgta tgatgacatc tcacagggtc tgcctttaaa ttaccctcc ctgcacacac 720  
40 atacacagat acacacacac aaatataatg taacgatctt ttagaaagt aaatgtat 780  
agtaactgat tgagggggaa aagaatgatc tttattaatg acaaggga ccatgagtaa 840  
tgccacaatg gcatattgta aatgtcattt taacattgg taggccttg tacatgatgc 900  
tggattacct ctcttaaaat gacaccctc ctgcctggtt ggtgctggcc cttggggagc 960  
tggagcccag catgctggg agtgcggtca gtcacacac gtagtccca cgtggcccac 1020  
45 tcccgcccca ggtgctttc cgtgtcttca gttctgtcca agccatcac tccttgggac 1080  
tgatgaacag agtcagaagc ccaaaggaa tgcactgtgg cagcatcaga cgtactcgct 1140  
ataagtgaga ggcgtgtgtt gactgattga ccagcgctt tggaaataa tggcagtgtc 1200  
ttgttcactt aaagggacca agctaaattt gtattggtc atgtagtga gtcaactgt 1260  
tattcagaga tgtttaatgc atatttaact tatttaatgt atttcctc atgtttctt 1320  
50 attgtcaca gagtacagt aatgctgcgt gctgctgaac tctgttggg gaactggtat 1380  
tgctgctgga gggctgtgg ctcctctgtc tctggagagt ctggtcatg ggaggtggg 1440  
tttattggga tgctggagaa gagctgcag gaagtgttt ttctgggtca gtaataaaca 1500  
actgtcatag ggaggggaa tctcagtagt gacagtcaac tctaggttac cttttttaat 1560  
gaagagtagt cagtcttcta gattgttctt ataccacctc tcaaccatta ctcacacttc 1620  
55 cagcgcccag gtccaagtct gagcctgacc tccccttggg gacctagcct ggagtcagga 1680  
caaattggtc gggctgcaga gggttagaag cgagggcacc agcagttgtg ggtggggagc 1740  
aagggaagag agaaactctt cagcgaatcc ttctagtact agttgagagt ttgactgtga 1800

attaatttta tgccataaaa gaccaaccca gttctgtttg actatgtagc atcttgaaaa1860  
gaaaaattat aataaagccc caaaattaag aaataaaaa 1899

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

5

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1398 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

agaatgtcgg gcggtgctgc gaggcccaag cccgggcccgg ggcgcctcc ctcaacgcct 60  
cccttgacgg cctccacaac gcaactcttcg ccaactcagcg cagcttggag cagcaccagc 120  
30 ggctcttcca cagcctcttt gggaacttcc aagggctcat ggaagccaac gtcagcctgg 180  
acctggggaa gctgcagacc atgctgagca ggaagggaa gaagcagcag aaagacctgg 240  
aagctccccg gaagagggac aagaaggaag cggagccttt ggtggacata cgggtcacag 300  
ggcctgtgcc aggtgccttg ggcgcggcgc tctgggagge aggatccctt gtggccttct 360  
atgccagctt ttcagaaggg acggctgccc tgcagacagt gaagttcaac accacataca 420  
35 tcaacattgg cagcagctac ttccctgaac atggtactt ccgagccctt gagcgtggtg 480  
tctacctgtt tgcagtgagc gttgaatttg gcccagggcc aggcaccggg cagctggtgt 540  
ttggaggtca ccatcggaact ccagtctgta ccaactgggca ggggagtggg agcacagcaa 600  
cggctcttgc catggctgag ctgcagaagg gtgagcagat atggtttgag ttaaccagg 660  
gatcaataac aaagagaagc ctgtcgggca ctgcatttgg gggcttcctg atgtttaaga 720  
40 cctgaacccc agccccaatc tgatcagaca tcatggactc gccagctct cctcggcctg 780  
gggctctggc caaggatggg ctggaggtca ttcagttggt ctgtctcttc cctggaaacc 840  
ttctgcaaag atggtgtggt gtacgtggct tccctgtaac cacatggggc ttggccattt 900  
ctccatgatg agaaggactg gaatgcttct ccgggcagga catggtccta ggaagcctga 960  
accttggctt ggcatgcctt ctgagacagc acggcctggg ctccaactct tcaccacacc1020  
45 ctgtattcta caacttcttt ggtgttttgc tctctctgtg gttggaaact tctgtacaac1080  
actttaaaact tttctcttgc ttctcttctt cttctccctt atcgatgat agaaagacat1140  
tcttccccag gaggaatgtt taaaatggag gcaacatttt ggccaacatt ggaaagcact1200  
agagggcaat gggattaaac caacctgctt ggtctctatt agtcagtaat gaagacgaca1260  
gcctggccaa ccaagggaaa gaaattagat atcttttagt tcagtcattc cttgtagggg1320  
50 tatgggtttt agcttgtggc cccaccgaa aagattcatc ttggattgtt aatgcctatt1380  
attccccaca ttaagggg 1398

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

55

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1340 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

15

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

20

```

tttggcatca tttacaattt catagaatta ctgtgaaggg ctttctagtt gagatgttgg 60
ggtatttggg attctaattg ttaaccccag aagaaggtaa tttagcttgt atttatttaa 120
aaccatttta gccttttact tataatctgt agaattccag tgatcatcct aataaggat 180
atttcagaat aatttttttt tccttcagaa taacttagaa tcagatgcta taagggtcc 240
taggagcagt gtgaaatttc cgtaaagata aatttgaatg ttgtaaccaa gtttatatta 300
aaccaagagg ccatttccaa tatgattttt tgtttctttt taacttgta agtccctaag 360
agattacatg ctagggttg agtcatttct attgtagata atgatggccc acacagtcac 420
cttcaactat ccacataagc taggcttttc gcttttgcca cggacagtgt gaccaagata 480
tttccagagt aaataaccca ccacaacctt ggtaattcct cttttcttct taagctccag 540
gaagcgaaag cagaaggact cttttcagac tgccctctgt agcctacatt gcagctttcc 600
aaaacaggca gctagcactg ggaaagccca tgtggtgacc ccatattttt ctgaggttct 660
tcttttccat ggtgttactt tattatcaga aagtaaatc agaaaacagg tcttgccctt 720
agcagacaag aaccacacca gtttcttgta aaggtaacgg atacattggg attcaggagt 780
gacacagagg tccagcccca gaacttgtaa ggattttgtt tgaacactga gcagatgcct 840
cctccctgcc acccatcaca ctagttaggg ctggccatga attctatgcc agagtcactc 900
ctgcagtcctg ctagggatgg gccttcttat cccactctcg cacacatccc agtctagtct 960
ttgccttcac agagtcctcc ttgacacccc tgacttaatg atagttgctg ttttgagta1020
gaattgatca ggtttaagtc atcctgctca ggttgggcat agtggctcat gcctgtaatc1080
tcagcacttt ggggaagccaa agtgggagga ttgcttgagc ccaggagtcc caaaccatcc1140
40 tgggcaacag agggagaccc tgtctctacc aagaaaaaaa aaaaaaaaaa aaagttaaaa1200
aaacaattag ctggacctgg tgggtgcacac tcagtaggct gaggtgaaag gattccttta1260
acatgggaga ctgaagatgc agtgagccat gaatcagcaa ctgcacacca gtatgagaga1320
aaaagtggaa ccctatcaca
1340

```

- 45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 315 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 50 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52

atcagcacat caattgcagc attgtggcta ccaggggggc aggatgcggg cggaggagcc 60  
ctctggcctt tgtgtgtag ccgaggactc tgtgtcagcg accgttttcc gggaaacttc120  
15 cgggcgagac tcacatcttg gaaattcaaa tactcaatag ctctcgaatt ctaggaaatct180  
tgagaagagg cctggattaa ggattcagac gtgggccctc agatggctat ggcattgctg240  
gttctaccaa cgtgacagg gatcaagtta agaagctgga cgtcctctcc aacgacctgg300  
gtatggaaca ggtta 315

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1162 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

cggtctgagc ggctcgagat tcgaggctgt ggtggtcttg gaagagcgtc gagggggccg 60  
45 tggacgtgga atgggcccag gagatggatt tgattctcgt ggcaaactg aatttgatag 120  
gcatagtgga agtgatagat ctggcctgaa gcacgaggac aaactggag gtagcggatc 180  
tcacaactgg ggaactgtca aagacgaatt aacagagtc cccaaataca ttcagaaaca 240  
aatatcttat aattacagt acttgatca atcaaatgtg actgaggaaa cacctgaagg 300  
tgaagaacat catccagtgg cagacactga aaataaggag aatgaagtg aagaggtaaa 360  
50 agaggagggt ccaaaagaga tgactttgga tgagtggag gctattcaaa ataaggaccg 420  
ggcaaaagta gaatttaata tccgaaaacc aaatgaagg gctgatggc agtggaagaa 480  
gggatttgtt cttcataaat caaagagtga agaggctcat gctgaagatt cggttatgga 540  
ccatcatttc cggaaagccag caaatgatat aacgtctcag ctggagatca attttgaga 600  
ccttgccgc ccaggacgtg gcggcagggg aggacgagg ggacgtggc gtggtggcg 660  
55 cccaaaccgt ggcagcagga ccgacaagtc aagtgttct gctcctgatg tggatgacct 720

agaggcattc ccagctctgg cttaactgga tgccataaga caaccctggt tcctttgtga 780  
 acccttctgt tcaaagcttt tgcattgctta aggattccaa acgactaaga aattaaaaaa 840  
 aaaaagactg tcattcatac cattcacacc taaagactga attttatctg ttttaaaaaa 900  
 gaacttctcc cgctacacag aagtaacaaa tatggtagtc agttttgtat ttagaaatgt 960  
 5 attggtagca gggatgtttt cataattttc agagattatg cattcttcat gaatactttt1020  
 gtattgctgc ttgcaaataat gcatttccaa acttgaaata taggtgtgaa cagtgtgtac1080  
 cagttaaaaa aatcacaaaa aaaaaaaatt ttaattaagg atttagaagt tcccccaatt1140  
 acaaactggt tttaaatatt gg 1162

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO.:54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1826 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:54

35 cggctcgagg ccccgccctt gttcgccccg cgccaccggc ccgcgccccg ccatggagga 60  
 cctggatgcc ctgctctctg acctggagac taccacctcg cacatgccaa ggtcaggggc 120  
 tccaaagag cgccctgcgg agcctctcac cctcccccac tctatggcc accagccaca 180  
 gacagggtct ggggagtcct caggagcctc gggggacaag gaccacctgt acagcacggt 240  
 atgcaagcct cggtccccaag agcctgcagc ccggcgggcc cctccattct cctcttccag 300  
 cggtgtcttg ggtaccgggc tctgtgagct agatcggttg cttcaggaaac ttaatgccac 360  
 40 tcagttcaac atcacagatg aaatcatgtc tcagttccca tctagcaagg tggtctcagg 420  
 agagcagaag gaggaccagt ctgaagataa gaaaagaccc agcctccctt ccagcccgtc 480  
 tcttgccctc ccaaaggctt ctgccacctc agccactctg gagctggata gactgatggc 540  
 ctcaactctc gacttccgcg ttcaaaaacca tcttccagcc tctgggccaac ctacgccacc 600  
 ggtggtgagc tccacaaatg agggctcccc atccccacca gagccgactg gcaaggggcag 660  
 45 cctagacacc atgctggggc tctgctcagc cgacctcagc cgccgggggtg ttccccacca 720  
 ggccaaaggc ctctgtggct cctgcaataa acctattgct gggcaagtgg tgacggctct 780  
 ggcccgcgcc tggcaccctg agcacttcgt ttgcggagggc tgttccaccg cctggggagg 840  
 cagcagcttc ttcgagaagg atggagcccc cttctgcccc gagtgctact ttgagcgctt 900  
 ctgcgcaaga tgtggtctct gcaaccagcc catccgacac aagatggtga ccgccttggg 960  
 50 cactcactgg caccagagc atttctgctg cgtcagttgc ggggagccct tcggagatga1020  
 gggtttccac gagcgcgagg gccgcacctc ctgccgcccg gacttcctgc agctgttcgc1080  
 ccgcgcctgc cagggtgccc agggcccat cctggataac tacatctcgg cgctcagcgcl140  
 gctctggcac ccggactgtt tctctgcag ggaatgcttc gcgcccttct cgggaggcag1200  
 ctttttccag cagcagggcc gcccggtgtg cgagaaccac ttccacgcac gacgcggctc1260  
 55 gctgtgcgcc acgtgtggcc tccctgtgac cggccgctgc gtgtcggccc tgggtcgccg1320  
 cttccaccgg gaccacttca catgcacctt ctgcctgcgc ccgctcacca aggggtcctt1380  
 ccaggagcgc gccggcaagc cctactgcca gccctgcttc ctgaagctct tcggctgaca1440

gcccgcctcg ctcgccctct cccccggagg ccgcgcctc ccggaagaag cgggtcctcc1500  
 agaccccgag gccttgctct cagagcgga ggccccacc actggagag cccgccccta1560  
 aggtactatg agtcctcagg ggtcaagttc agaaacggcc cagccagacc taaaccaca1620  
 cccccacaaa gtggattgca cacagacaag aactccctg cgggcctcca ctctattccc1680  
 5 acccttgagg gagccccctt actgggggag ggtccttgca attccagcga atcggaggcc1740  
 aggccaggac gtccttgctc cctgcaccct cactgttctg tgcacttttt ctacctacat1800  
 aaacacacgc attccacctc aaaaaa 1826

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

10

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1114 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

gatgaagtag atgactttga ggacttcac ttcagccact tctttggaga caaagcactg 60  
 aagaagaggt cagggaagaa ggacaagcac tcacagagcc caagagctgc ggggcccagg 120  
 35 gaggggcaca gcataggggg ctgacaccct gccccacagg gaatggcctt ggcctggccc 180  
 agcccaagat cccagcggtta tctaactcct ggaggggtga ctctgtcctg gcttggttgg 240  
 tgtcctcaga tatctttcac acagtagagc aaaatcacca gccctgcact gatgtcactt 300  
 tatgtagaaa aaggcccttag ctggacctgc gttgccgtct atgcaaagc atgcaaatac 360  
 tccaggccct gggatgtggg cttgtgtttt gtcactgtga agggggagat gggagaggag 420  
 40 cctgttttgg ggtgggtctt ggggaaggca atctgattct gaagctaaag agctttcac 480  
 ctcttgagtg tatgtcccca tagtgggccc cttgaccac atgctgaccg gtgccttggg 540  
 atttgactag agttgctggc tcgaggccca gcacaggac ttaccctggg gttttgtag 600  
 gtttgaagc agctgtccct aggggggtgaa gtccccccc tttttttttt tttaccctg 660  
 cttctccac ggcttcacct ccctatgtga actgtagact cagatcccaa taaagtgtg 720  
 45 ttgcagctat gatgctaggt gggttctaag cacagggac accccacacc ccctgcctga 780  
 atggatgggt ccatcccagg cactggtact tgccccctt tctgtatcc cccttggccc 840  
 ttgccttgcc cttccaacaa accctaggcc cttgagaagc tgatacttct ccttttgc 900  
 acagctgcct tggccccacc cctgggagat gtagcaaat gagtgtgggt tttggagtct 960  
 gagcctcagg ctcaaatcca ggccaagtga tcttgggcaa gttaatctct gggaactttg1020  
 50 ggtttcttat cctcaaaaaa ggcgatggaa gggctgggga agtgattaaa taaaagcaac1080  
 gcaagaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa 1114

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

55

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1644 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

20 ctcgagccgt gcaagtggaa taacacgggc tgccaggccc tgcccagcca agaacgaagg 60  
 cccagcaag gccttcgtga actgtgacga gaacagccgg cttgtctccc tgacctgaa 120  
 cctggtgacc agggctgatg agggctggta ctggtgtgga gtgaagcagg gccacttcta 180  
 25 tggagagact gcagccgtct atgtggcagt tgaagagagg aaggcagcgg ggtcccgcga 240  
 tgtcagccta gcgaaggcag acgctgctcc tgatgagaag gtgctagact ctggttttcg 300  
 ggagattgag aacaaagcca ttcaggatcc caggcttttt gcagaggaaa aggcggtggc 360  
 agatacaaga gatcaagccg atgggagcag agcatctgtg gattccggca gctctgagga 420  
 acaagggtga agctccagag cgctgggtct caccctggtg cccctggggc tgggtctggc 480  
 agtgggagcc gtggctgtgg ggggtggccag agcccggcac aggaagaacg tcgaccgagt 540  
 30 ttcaatcaga agctacagga cagacattag catgtcagac ttcgagaact ccagggaatt 600  
 tggagccaat gacaacatgg gaggcctctc gatcactcag gagacatccc tcggaggaaa 660  
 agaagagttt gttgccacca ctgagagcac cacagagacc aaagaaccca agaaggcaaa 720  
 aaggctatcc aaggaggaag ccgagatggc ctacaaagac ttctgtctcc agtccagcac 780  
 cgtggccgcc gaggccagg acggccccc ggaagcctag acggtgtcgc cgctgtctcc 840  
 35 ctgcacccat gacaatcacc ttcagaatca tgtcgatcct ggggccctca gctcctgggg 900  
 acccactccc ctgctctaac acctgcctag gtttttccca ctgtcctcag aggcgtgctg 960  
 gtcccctcct cagtgcacac aaagcctggc ctaattgttc ctattgggga tgagggtggc 1020  
 atgaggaggt cccacttgca acttctttct gttgagagaa cctcaggtag ggagaagaat 1080  
 agaggtcctc atgggtccct tgaaggaaga gggaccaggg tgggagagct gattgcagaal 1140  
 40 aggagagacg tgcagcggcc ctctgcaccc ttatcatggg atgtcaacag aatttttccc 1200  
 tccactccat cctccctccc cgtccttccc ctcttcttct ttccttccat caaaagatgt 1260  
 atttgaattc atactagaat tcagggtgctt tgctagatgc tgtgacaggat atgccaccaal 1320  
 cactgctcac agcctttctg aggacaccag tgaagaagc cacagctctt cttggcgtat 1380  
 ttatactcac tgagtcttaa ctttccacca ggggtgctca cctctgcccc tattgggaga 1440  
 45 ggtcataaaa tgtctcgagt cctaaggcct taggggtcat gtatgatgag catacacaca 1500  
 ggtaattata aaccacatt cttaccattt cacacataag aaaattgagg tttggaagag 1560  
 tgaagcggtt ttctttttct tttttttttt tgagacggag gtcttccactg tcgccaggc 1620  
 tggagtgcag tggcgcaatc tcgg 1644

- 50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 2184 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 55 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57

tgcagtggtc agagtgcacct ggtataaggg agagggcatc accttgcccc ctgtgctgac 60  
tcctgccctt gtgcgagggg agtccatccc gatccggctc ttcctggccg ggtatgagct 120  
20 caccgccacc atgcgggaca tcaacaagaa gttctctgtg cgctattacc tcaacctggt 180  
gctgatagac gaggaggagc ggcgctactt caagcagcag gaagtgggtg tgtggcggaa 240  
gggtgacatc gtacggaaga gcatgtccca ccaggcgcc atcgccctac agcgctttga 300  
gggcaccacc tccctgggtg aggtgcggac cccagccag ctgtctgaca acaactgcag 360  
gcagtaggcc cccagggccg agaagatgct gggcaccac ccagcaccac catctaccaa 420  
25 caccagcgcc tgggggcggg ggcggacctt gtgaggctca gttgaccctg tacttgcaac 480  
ctgaaaacaa atcatgtttt tgacttaaat tcttttctct ggagaaccca aggggcttgg 540  
ggtgggaagc agtctctcct tgggattctg cggccgatgt gggatagaag aggtagcatc 600  
ctggaagcca gcctctctgg ggaacatgag ccccttccct cggggggctg ccttgccgtc 660  
tagaggagg agagcagaga gcacgcaccc ttggctcctg gctctctgag cttcctgata 720  
30 caggatctga gcatgtccct gggattctga gctgccaaaca gggccctggg tagtcacatc 780  
ttgtactccc ctttgctgtc ccggaggtag tggcaggagt tgggccagcc cccactaagt 840  
ggcaggggaa gactcacgat tgggaagcta cctctttggg aatcttggat gtggtgatct 900  
caagttccca caggccacct ccttctggcc actcactgct gggaccagc cacctccctt 960  
ctccatctc tctggattgt cagtaattgt ctggaacaga agcctgtagg atggccttgg1020  
35 gcacggagaa gccctgggt cagtgtcgtg caccgatggc ggcagtgttg aaccaggag1080  
gctgaaccgg cccaccacg gaagatgagt gcatggcaac cgctgcctt cacgtcgtc1140  
cacttggtaa ccccaaggtc tgggctgttc taggtattgc ttcacgtgcc ccagcaagcc1200  
cttaacaaga gggcctggtt ccctgaagaa ccaatcccag gaaggggect tgatccctcc1260  
gccttgctga gagtgaacct tcgtctctcc tcaccctcca tttcatttct ggggaattggg1320  
40 gcttagtttc gaacctttgg caaggctgtt cttactaatg cccaagcccc tttaccctc1380  
tccctatagg ttacacaggg gagaccaggg cctcggcaga agactgctgc cacacttccg1440  
aatcattctg cttgccaaat aggtcatctt caccagtga ctgacccaag tttaggacca1500  
ttggtatcgt gtgtttaaaa aacacatata aaaaaactct tgtgaatatt cttgttatgc1560  
tagagaggaa ggtacttctc cctctacggc tctgcgctgg ggcctatggt agtaaagttg1620  
45 tttactgtcc tttttctgct tccctggaa atgacaggca ttactctccc attggcctcc1680  
cttcccttta tagaaagacc aagcaggccc cactggccaa gaggtagcgt atttggcagt1740  
ctgagttctc agtaatttgg aaagttaagg agttggttcc tgtgtcacct ttcagttagt1800  
gtgggaaagg aagacttctg ttttctgag atcagtgcag tctcaggcct ttggcagggc1860  
tcattgatca gagctgagac tggagggaga ggcatttcgg gtagcctagg agggcgactg1920  
50 gcggcagcag aaccgaggaa ggcaaggttg tttccccac gctgtgtcct gtgttcaggt1980  
gcgacacaca atcctcatgg gaacaggatc acccatgcgc tgcccttgat gatcaaggtt2040  
ggggcttaag tggataaggg aggcaagttc tgggttccct gccttttcag agcatgaggt2100  
caggctctgt atccctcctt ttcttagctg atattctaac tagaagcatt tgtcaagttc2160  
cctgtgtggc cttccccccc agag 2184

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:



- (A) LÄNGE: 1510 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

```
agcctgggaa acacagtagg gctccacctc tacaaaaaac acaaaaatta gccaggcatg 60
tggcgtcata gtagaattaa tcaaaagcaa gaaaatggct ggaggagctg tcttgttggc 120
aggacctcct ggaactggca agacagctct ggctctggct attgctcagg agctgggtag 180
25 taaggtcccc ttctgcccaa tgggtggggag tgaagtttac tcaactgaga tcaagaagac 240
agaggtgctg atggagaact tccgcagggc cattgggctg cgaataaagg agaccaagga 300
agtttatgaa ggtgaagtca cagagctaac tccgtgtgag acagagaatc ccatgggagg 360
atatggcaaa accattagcc atgtgatcat aggactcaaa acagccaaag gaaccaaaca 420
gttgaaactg gaccccagca tttttgaaag tttgcagaaa gagcgagtag aagctggaga 480
30 tgtgatttac attgaagcca acagtggggc cgtgaagagg cagggcaggt gtgataccta 540
tgccacagaa ttgcacctg aagctgaaga gtatgtcccc ttgccaaaag gggatgtgca 600
caaaaagaaa gaaatcatcc aagatgtgac cttgcatgac ttggatgtgg ctaatgcgcg 660
gccccagggg ggacaagata tcctgtccat gatgggccag ctaatgaagc caaagaagac 720
agaaatcaca gacaaacttc gaggggagat taataagggt gtgaacaagt acatcgacca 780
35 gggcattgct gagctggtcc cgggtgtgct gtttgttgat gaggtccaca tgctggacat 840
tgagtgtctc acctacctgc accgcgcctt ggagtcttct atcgctccca tcgtcatctt 900
tgcatccaac cgaggcaact gtgtcatcag aggactgag gacatcacat cccctcacgg 960
catccctctt gaccttcttg accgagtgat gataatccgg accatgctgt atactccaca1020
ggaaatgaaa cagatcatta aaatccgtgc ccagacggaa ggaatcaaca tcagtgagga1080
40 ggcaactgaac cacctggggg agattggcac caagaccaca ctgaggtact cagtgcagct1140
gctgaccccg gccaaacttg ttgctaaaat caacgggaag gacagcattg agaaagagca1200
tgtcgaagag atcagtgaac ttttctatga tgccaagtcc tccgccaaaa tcctgggctt1260
gaccaggcag ggataagtta cattgaagtt gagatggctt gagggttttt cagcagctaa1320
gagacttccc caggtgtgct tggcctgggg tcagcctgtt gggcgctttg ccctgggggt1380
45 tgggggctgc cttccccat tcaggcggtt ggttgacagc ttgttcaatt tcagttgttg1440
gaaagcgttt ttttttgaa gttagtctta agtgtttccc cttgggtttg ttttgaaaag1500
aacccttctt 1510
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1188 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

```

gagaactcac accatatgtg tcctgttcca gtgcgcgggt ctgtggagag ccgggtgcga 60
gcggcgccag cacgagggga aaagagctga gcggagacca aagtcagccg ggagacagtg 120
ggtctgtgag agaccgaata gaggggctgg ggccacgagc gccattgaca agcaatgggg 180
aagaaacaga aaaacaagag cgaagacagc accaaggatg acattgatct tgatgccttg 240
gctgcagaaa tagaaggagc tgggtgctgcc aaagaacagg agcctcaaaa gtcaaaaggg 300
aaaaagaaaa aagagaaaaa aaagcaggac ttgtatgaag atgatatcct gaaagaactg 360
gaagaattgt ctttggaagc tcaaggcatc aaagctgaca gagaaactgt tgcagtgaag 420
ccaacagaaa acaatgaaga ggaattcacc tcaaaagata aaaaaagaa aggacagaag 480
ggcaaaaaac agagttttga tgataatgat agcgaagaat tggaagataa agattcaaaa 540
tcaaaaaaga ctgcaaaacc gaaagtggaa atgtactctg ggagtttaac aaacttccta 600
aaaaagctaa agggaaagct caaaaatcaa ataagaagtg ggatgggtca gaggaggatg 660
aggataacag taaaaaaatt aaagagcgtt caagaataaa ttcttctggt gaaagtgggtg 720
atgaatcaga tgaatttttg caatctagaa aaggacagaa aaaaaatcag aaaaacaagc 780
caggtcctaa catagaaagt gggaatgaag atgatgacgc ctcttcaaaa attaaagacag 840
tgggccaaaa gaaggcagaa aagaaggagc gcgagagaaa aaagcgagat gaagaaaaag 900
cgaaactgcg gaagctgaaa gaaaaagaag agttagaaac aggtaaaaag gatcagagta 960
aacaaaagga atctcaaagg aaatttgaag aagaaactgt aaaatccaaa gtgactgttg1020
atactggagt aattctgcc tctgaagaga aagcagagac tcccacagct gcagaagatg1080
acaatgaagg agacaaaaag aacgaaagat aagaagaaaa agaaaggagg acaaggagg1140
aaaagagaac agagaaggaa agaagggcct ggcaaaagcc actgtttc 1188

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2208 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

```

gcaggacggc tctgggccct tectggctga cttcaacggc ttctcccacc tggagctgag 60
aggcctgcac acctttgcac gggacctggg ggagaagatg gcgctggagg tctgtgtcct 120
ggcacgaggc ccacgaggcc tectgtctca caacgggcag aagacggacg gcaaggggga 180
10 cttcgtgtcg ctggcactgc gggaccgccg cctggagttc cgctacgacc tgggcaaggg 240
ggcagcggtc atcaggagca gggagccagt caccctggga gcctggacca ggtctcact 300
ggagcgaaac ggccgcaagg gtgccctgcg tgtgggcgac ggcccccggtg tgttggggga 360
gtccccggtt ccgcacaccg tectcaacct gaaggagccg ctctacgtag ggggcgctcc 420
cgacttcagc aagctggccc gtgctgtctg cgtgtcctct ggtctcgacg gtgccatcca 480
15 gctggctctc ctcggaggcc gccagctgct gaccccgagg cacgtgtctg ggcagggtgga 540
cgtcacgtcc tttgcaaggc acccctgcac ccgggcctca ggccaccctt gcctcaatgg 600
ggcctcctgc gtcccgaggg aggtgcctta tgtgtgcctg tgtccggggg gattctcagg 660
accgcactgc gagaaggggc tgggtggaga gtcagcgggg gacgtggata ccttggcctt 720
tgacggggcg acccttgtcg agtacctcaa cgctgtgacc gagagcgaga aggcaactgca 780
20 gagcaaccac tttgaactga gcctgcgcac tgaggccacg caggggctgg tgctctggag 840
tggcaaggcc accgagcggg cagactatgt ggcactggcc attgtggacg ggcacctgca 900
actgagctac aacctgggct ccagcccggt ggtgtctgct tccaccgtgc ccgtcaacac 960
caaccgctgg ttgcgggtcg tggcacatag ggagcagagg gaaggttccc tgcagggtggg 1020
caatgaggcc cctgtgaccg gtcctcccc gctggggcgcc acgcagctgg aactgatgg 1080
25 agccctgtgg cttggggggc tgccggagct gcccggtggc ccagcactgc ccaaggccta 1140
cggcacaggg tttgtgggct gcttgcggga tgtggtggtg ggccggcacc cgctgcacct 1200
gctggaggac gccgtcacca agccagagct gcggccctgc cccaccccat gagctggcac 1260
cagagccccc cgcccgctgt aattattttc tatttttcta aacttgtcgc tttttgat 1320
gattttcttg cctgagtggt ggccggaggg actgctggcc cggcctccct tccgtccagg 1380
30 cagccgtgct gcagacagac ctagtgtgta gggatggaga ggaggtgg cagcgtggag 1440
ggctcggcgt ggtatggcag ctcaggacac acaccctgc ctcaagggtc tgagcccccg 1500
ccttgcaact cgcccgcccc acggtgtccc cgccgggaag cagccccggc tctgaatca 1560
cctcgcctcc gtcaggcggg actcgtgtcc cagagaggaa ggggctgctg aggtctgat 1620
gggcccctcc tccgggtgac cccacagggc ctttccaagc ccctatttga gctgctcct 1680
35 cctgtgtgtg ccttggaacc tgccctggcc tectgcgcca atactgtgac ttccaaaca 1740
tgttactgct gggcacagct ctgcgttgct ccgctgctgc ctgcgccagc ccaggctgct 1800
gaggagcaga ggccagacca gggccgatct ggggtgtcctg accctcagct ggccctgcc 1860
agccaccctg gacatgaccg tatccctctg ccacacccca ggccctgcga ggggctatc 1920
agaggagctc actgtgggat ggggttgacc totgcccct gcctgggtat ctgggcctg 1980
40 ccatggctgt gttcttcatg tgttgatttt atttgacccc tggagtgtg ggtctcatc 2040
ttcccatctc gcctgagagc ggctgagggc tgcctcactg caaaatcctc cccacaaaag 2100
cggtcagtga aaagtcggtc ctttgccta aaaaatgacc aaggggccaa gcaagtttt 2160
tgaacaaagg gtgaaggggg aagttcgaag aggttggaag ggaatttt 2208

```

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 283 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

```
gaaaagggg aggggagtg acaatctttg cttggggcct atgacttctc cagccccaag 60
gggagatgcc accgggaaat cccccaatgt ccactagggg gcaggaggcc accgttcttc120
gtactccgga gaacctggct ggagagctct ttctgttca ccctccctc cagctgtatc180
tctgccctgc agataacgtg aaggactgga gcaaggctgt cctggcctat gagcctgtgt240
gggccattgg tactggcaag actgcaacac cccaacaggg aac 283
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 184 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

```
aacggaggat gcctaggctt ctggaggcga agaaggacgc ggcaagctgc gaaaagtcac 60
gggtatctgc aagcatgaaa tgatccgtga atatccgaat ggggcaaccc gtgcagggtga120
agcctgcaca cctgaataaa tcaggggcag acgcagggaa ctgaaacatc ttagtacctg180
cagg 184
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1780 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

```

5      tcccccccg gggcaacccc cccatcgggc ccccaaagcg ctgggggttac agccttaagc 60
      caccaagccc cggcgagacct tcttctatct tccattctc ctttccaaag ccatggccat 120
      gcgtctctgt gtacaggtgc ataaacacat cagtgtgcc tccctcacat gcatgtcgtt 180
20     cccacccct ccttcccagg gcttctcttg gctccagcgt tctctggga cctctgcag 240
      atacagcctg tgctggaccc ccagccaggg tgagggtca ttctgctctg tcttcccac 300
      tgctcagtt tccccaaaa gctgctttca cgtccttcta gtagggggcc tcccatgggg 360
      gcaaggatcc ccttttaggat tcaatctttc ctctttgggc agttttggct ttgagtcctc 420
      cagggatcag ggtgagaatg aagaagagct cagtgaagcg aatgacagca gctgggtggg 480
25     tgggtgtggg agaggctgag gggaaggcag ctctaagact gggagtggag ttcttgagg 540
      tgtggggagg gggcgctgtt ttcaatttag aaaaatctca gccagctcga gccgagagag 600
      aatgcgaaag aggaagtctg gaaggagcga ggaatgggtt ggggtggcagc gggggccgct 660
      cagttgctgt cgctcttgct caccagcacg gcgtccgact cctcggtgat ctccagcagc 720
      gcgtgcacgt cggggctgct cccgcgcgcg aggtcgcccg cctccccccg ctccgcccac 780
30     ctccaccatc tcgggtggcct tgagcacttc cacctggccc tcgcggatct tcttgacgtg 840
      gaaggtgaag ggtggcacct ttagaccgcg ggtcttgagg cgcgcgtaga ccacgtggtc 900
      gggcgtgaag gatttgcgca acttgctccg cgacgtcttc agtttctcgc gccgctcggc 960
      gggcaccagg cgcgtgccca gcttgctcat gcgcttctcc aggggtgtgc gcgtcttctc 1020
      caggttttcc ttggtcttga ggcgctcttc ctccagggtc tcgcgggtac gcaccttggt 1080
35     cttctccatc ttctccttgg agaaggcctt ctgaagtgc tccacgcgcc gcaggccctg 1140
      cgcttgatac gctctgcgcg ggactcctca ataacctct caacctccac cgctctgctc 1200
      gacgaaagct ccagcgccgc tgctcctcc tcgggcccgt cgccctcgcc cagctcctcg 1260
      cctccttct ctggcagcgc ctccgactct ttcagcgatt tgctgatgct cagtttggtc 1320
      ggcagcttca ctcatcctg gtagatcatg actttaagt tgcggcgcg cagcagctcg 1380
40     gcctcgttga cctccagctt cttagctgc cccgcctggc gctccaggct gccgcgacg 1440
      gtcttcacgt tgacgtgac cttagcgcacc ttctccagca gcttgctcac cgtattgctc 1500
      gtgggtgggt gcgccttgcc cagcttgctc agctcgccct ggatgctctg cactgcgccc 1560
      tccatctccg cctgccgctc ctccagctgt gcttgagtc gctggatctg gtctacggcc 1620
      ccgatgattt tgtccaggag gctcagcacc agcacgccgt tcacctggtc cgacttgatc 1680
45     agctcttctg agccggcccc cgacggctcc tccgtgcct gagccccagc ggaggaagct 1740
      ccggggcctc ggcgatcggg gtaccggggc aagcgccgc 1780

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1652 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64

```

15  ctcgagcggc tcgagccgat tcggctcgag cggctcgaga agaagatatg ctagtctgta 60
    tttttgctgt gctattgagg atcaggacaa tgaactaatt accctggaaa taattcatcg 120
    ttatgtggaa ttacttgaca agtatttcgg cagtgtctgt gaactagata tcattcttaa 180
    ttttgagaag gcttatttta ttttggaatg gtttcttttg ggaggggaag ttcaggaaac 240
    atccaagaaa aatgtcctta aagcaattga gcaggctgat ctactgcagg aggaagctga 300
20  aacccacagt agtggttctt gaagaaattg gactgacata actctcctcc cttgttgatg 360
    acttcttgatg gcatttcaca cactgtagat ggctactccc ttcattgtcca ttttagctca 420
    tgggtgaaga tgatgtcttg tcagtattac tgttttgcta agccgcttca ttcattgcta 480
    cacaattttt ttttaaaagg gaactttagt taattaagtg ataagggact taaatatgaa 540
    ttagaatggg gcagaaaagag ataccttttc tggatatttt aaagtttaaa ggtcagtttc 600
25  tcttaatctg attatgtgca catatgaaaa tggcacatca tatacatgta aaatcaggca 660
    gtatacattt attaatctat gtatttgaca aaggaaactc ttaaattata atgtgaaacc 720
    tgggttttatg aaaccaaaaga ctatgacagc atttcagcat atgtaaaaag aaaaaaaaaa 780
    gggaattgac atgtcacata tcaaatgaat ggaaactttg ttgaaacttt aaaaagcaaa 840
    tttactccaa agacttgatg tggaaattac ataccttttt tttttttttt aaaggactac 900
30  agattatttt taatgactaa attggagtga tacttcttac actaaaaatt atttcttagg 960
    cattctgaat ctgggatgag aaacaggatt gtttcacaat agtaagcaca taatttttaa1020
    ggccaaggca catttgactc ctgagatgaa ttttttggtg tcataatcaa atacttagtt1080
    gtttttgatg ccccaaaaata aagtgagaat ggtaatttgc caggaattct tcataacagt1140
    atcttacaata aaacgtggtg ctctcttcac agtattatgt gtaaagtcac tgtttaaagc1200
35  acgaatgttc cctctggggg acttggttaa gctaaattta ttttgcttcc ctccacttag1260
    aagtgcctga cactttacag cagcttcctt tctttccatg gcactgccta gttaacagaa1320
    gtcttataaa aatttaaaaa gacacatttc ttacaaaaaa gagttgaatg aggtaaaaatg1380
    gcattagatg gctctatatt ttttaaagct atgtaattgt tcagcgtcac ttttctaagt1440
    acttatacat atctaaacat gtcttcatgg tttatatttt cacttatata tgctgggctg1500
40  gattaagctt tgttgatgatt gtgaccaaca ttcaggccac gtgagcactg tcttatcaca1560
    tcgccaatta gttgtaataa acgttcaacg tacaaaaaaa aaaaagggcg cagcttccct1620
    ggggggaatt actggaagcg ggggtaagcg ga
    1652

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1085 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

```
gctccctggc ctccctctca gacagcttgg ggggtgtctgt catggccacc gaccaggact 60
cctactccac cagcagcacg gaggaggagc tggagcagtt cagcagcccc agcgtgaaga 120
agaagccctc catgatcctg ggcaaggctc ggcaccggct gagctttgcc agtttcagca 180
15 gcatgttcca cgctttcctc tccaacaacc gcaagctgta caagaagggtg gtggagctgg 240
cgcaggacaa gggctcgtac tttggcagcc tgggtgcagga ctacaagggtg tacagcctgg 300
agatgatggc gcgccagacc tccagcacgg agatgctgca ggagattcgc accatgatga 360
cccagctcaa gagctacctg ctgcagagca ccgagctcaa ggccctgggtg gaccccgccc 420
tgcactccga ggaggagctc gaagcaattg tagagtctgc cttgtacaaa tgtgtcctga 480
20 agcccctgaa ggaagccatc aactcatgcc tgcacagat ccacagcaag gatgggttcgc 540
tgcagcagct caaggagaac cagttagtga tcctggccac caccaccact gacctagggtg 600
tgaccaccag cgtgccggag gtgcccatga tggagaagat cctgcagaag ttcaccagca 660
tgcacaaggc ctactcacct gagaagaaga tctccatcct gctcaagacc tgcaaaactca 720
tctacgactc catggccctc ggcaaccacg ggaagcccta tggggcggat gacttcctgc 780
25 ctgtgctcat gtatgtgctg gcccgagca acctcacgga gatgcttctc aatgtggagt 840
acatgatgga gctcatggac cccgccctgc agctggggga gggttcctac tatctgacca 900
ccacctacgg ggccctggag cacatcaaga gctacgacaa gatcacgggtg acccggcagc 960
tgagtgtgga ggtgcaggac tccatccacc gctgggagcg ccggcgctact ctcaacaagg 1020
30 ccggggcctc ccgctcctcc gtacagccac ttcactctgcg tgtcgtacct ggagcccag 1080
cagca
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35 (A) LÄNGE: 1393 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

55

5 gggcagggga gggagttgac gggctgacac aggaaactcc cctgaaacct gtttctcagc 60  
 ttcccggccc agctgggca ccactggaa ggagaggcca ggcggaagac cctgggtccg 120  
 tcatggcctc tgccctgagg ccaccccggtg tccccaaagcc taagggtgtc ctgccttcac 180  
 actactatga gagctttcta gagaagaagg ggcctgtga ccgggattac aagaagttct 240  
 10 gggcagggcct gcagggtctc accatttatt tctacaatag caatcgggac ttccagcacg 300  
 tggagaagct caacttgga gcatttgaga aactcacaga tgagattccc tggggaagct 360  
 cacgtgaccc tggcaccac ttcagcctga ttctccgga tcaggagatc aagttcaagg 420  
 tagagacctt ggagtgtcgg gaaatgtgga aaggcttcat cttaacggtg gtggagctcc 480  
 gtgtcccgac cgacttgacc ctgcttcctg ggacacctata catgatgtct gaagtcttg 540  
 15 ccaaagagga ggcgcgccgt gcaactggaga caccctcgtg cttcctgaag gtgagccggc 600  
 tggaggcaca actgtcctcg gagcgtacc ccgagtgcgg gaacctgctg ctgcggcccc 660  
 gcggggacgg cgccgacggg gtcggtcacc acgcggcaga tgcacaacgg gacgcacgtg 720  
 gtccggcatt acaagtgaa gcgggagggg cccaagtac gtgatcgatg tggaacagcc 780  
 gttctcttgc acctccctgg acgcccgtgg caactatttc gtgtcgata ccaaaaaggc 840  
 20 gctggtgcca ttctgttag acgaggacta cgagaagggtg ctaggctacg tgggaagccga 900  
 taaggagaat ggcgagaatg tgtgggtggc gcctccgct ccgggcccag gtcctgcacc 960  
 ctgcacaggt ggccccaaag cgctgtcacc tgcgtctagc caggacaagc tgccccact 1020  
 gccccacta ccgaaccagg aagagaacta cgtgaccctc attggagatg gccagctgt 1080  
 tgactatgag aaccaagatg tggcttcctc tagttggcca gtcactctga agccaaaga 1140  
 25 gttgccaaag cctcctgcca agcttccaaa gccaccggt ggacccaagc cagagccca 1200  
 agtctttaat ggtggttg gcagggaagc tgccagttca gtttcagccc agcctcttct 1260  
 ttccccacag gccgggctgg gcagacatgg acggcagagt tacagaagaa gctgggaga 1320  
 gaggcggggc actggtagca tggtttcgga cacaccagg accagcgggt tagttccagg 1380  
 cggggccagg tgg 1393

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 1248 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

50 ggcacgagga agttaagatc atacatgcgg atgtgctggt aacctgcaag aagcaatcat 60  
 gctgcgggtcc ggtgtgacct cccaaggcat tcacctggg agtccctggt gctgcacccc 120  
 aaccacagga gagctcatcg tgggtgacca gagcggggct atccacatct gggacttgaa 180  
 aacagaccac aacgagcagc tgatccctga gcccgaggtc tccatcacgt ccgccacat 240  
 cgatcccgac gccagctaca tggcagctgt caatagcacc ggaaactgct atgtctgaa 300  
 55 tctgacgggg ggcattggtg acgaggtgac ccagctcatc cccaagacta agatccctgc 360  
 ccacacgcgc tacgccctgc agtgtcgtt cagccccgac tccacgctcc tcgccacctg 420  
 ctcggtgat cagacgtgca agatctggag gacgtccaac ttctccctga tgacggagct 480



```

gagcatcaag agcggcaacc ccggggagtc ctcccgcggc tggatgtggg gctgcgcctt 540
ctcgggggac tcccagtaca tcgtcactgc ttccctcggac aacctggccc ggctctgggtg 600
tgtgggagact ggagagatca agagagagta tggcggccac cagaaggctg ttgtctgcct 660
ggccttcaat gacagtgtgc tgggctagcc tgtgaccctt cgggactgcc tgggtgcaggt 720
5 ggtggcagct ggagggaccc atgcagcacc caggtcagag cagaccctcc cctgccggcc 780
tgcgccactg gacctgatgg cccctgtgg cgcttgacc tgctgggcca ggctgccctg 840
ggactctcag cccccagttg cttatccaga tgtgacagag ctgacccaa gccaggctgc 900
acactcctgg actgggctag cctgcactgc ctgggaaagt cggccgaggg cccaaagctg 960
ctgaggggtc tgaggctggg gccaccccc aagctagtgt gttctctgcc cctccctgcc1020
10 cgcgtttcag ggcctcgggc catagagaac accaccacca tggccagggt gaagggttta1080
ttagtccctg ccagcagctg tcctccctgg tgcagggtgc ctggccagcc cactggattg1140
gggacgggcc aggctgggcc aggtcggggg ctcagtctgg gaggtataa aagcagaccg1200
acacgcagat gttgctcggg aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 1248

```

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1099 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 20 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

```

ctcgtgcaat ttccggcagg gagtgtcaag cctgttgtct taacattttg tataaaaaag 60
40 aacaacagaa attatctgtc atttgagaag tggcttgaca atcatttgag ctttgaaagc 120
agtcactgtg gtgtaatatg aatgctgtcc tagtggtcat agtaccaagg gcacgtgtct 180
ccccttggtg taactgattt cctttttagt cctctactgc taaataagtt aattttgcat 240
tttgagaaaa gaaacattga ttgctaaatc tttttgctgc tgtgttttgg tgttttcattg 300
tttacttggt ttatattgat ctgttttaag tatgagaggc ttatagtgcc ctccattgta 360
45 aatccatagt catcttttta agcttattgt gtttaagaaa gtagctatgt gttaaacaga 420
ggtgatggca gcccttcctt agcacactgg tggagagac cccttaagaa cctgacccca 480
gtgaatgaag ctgatgcaca gggagcacca aaggaccttc gtttaagtgt aattgtcctg 540
gcctctcagc catgaccgtt atgaggaaat atccccatt cgaacttaac agatgcctcc 600
tctccaaaga gaattaaaat cgtagcttgt acagatcaag agaataact gggcagaatg 660
50 aagtatgttt gtttattttt ctttaaaaaat aaaggatttt ggaactctgg agagtaagaa 720
tatagtatag agtttgcttc aacacatgtg agggccaaat aacctgctag ctaggcagta 780
ataaactctg ttacagaaga gaaaaagggc cgggcacagt ggcttattcc tgaatccca 840
acactgtgga aggccgaggc aggaggatca cttgagtcca ggagtttgaa acctacctag 900
gcaacatggt gaaaccttgt ctctaccaa ataaaaatta gctgggcatg gtggcacgtg 960
55 cctgtgggtc cagctacttg ggaggctgag gtgggagcct gggaggtcaa ggctgcagtg1020
agccatgatc atgccactgc actccatcct gggtgacagc aagatcttgt ctcaaaaaa1080
aaaaaaaaa aagtcgacc 1099

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 774 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

20

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

25

tttatggagc ctgtactatg taccagatgc agactgtgct agcgggttggg gatacagtga 60  
tgacttgggc tgccctctagg tggcagggag ccattttggg ttttcgaaca gaaaagtgc120  
ataatgaatg ctgagttctt aggaagatta atccaggagt agtctccagg atgtactgga180  
aggagagaag ctgaaaccag ggaggctgct gtgtttgcag ttggctgccc agtgctacct240  
30 ctgcagagac aatcaatgtc ctgaaggtag ctgggtatgtc tgtgtgcaact gacacgagcc300  
ttcctaccaa gccccagggg ctccatgctg gagaatgcac gtagggctag ggtgagcact360  
aacttcactt caggagagca aggaacagtg tggctcttcc attttccagt tctgtaagca420  
catcaccctt ttctctctccc cttgagctgt gttctctgac agctgtttgt tggtaaagcc480  
agcagccctt aaagcacgtc ccagccttgt ctctctgtg ctttccccc cactgctgc540  
35 tgcacgcttc atttgctggg ccacttttagt ggtggaacca ttagaggctg agtgacttaa600  
aggagattga gtctgtctcg accccgagag agagtgggat ggatggatgc atcgtctcat660  
ttagaaagtg ttgcctctga ctctaacaca ctctctctc tttctttacc gccctccctg720  
tgtgcgtccc tgggggggcg tgggctaacc ccctccgctc cccctttctc ctte 774

## 40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 426 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70

```

10 tagctccagt ctcagctgta tcattttcta actgattttt acaataaaaa tgagagtaaa 60
aatcagttac tctttctaga cattaattag cacattttacg ttaagactct aagtagtata120
aaatgtaaat tgctgctacc ctactaagtt actgtcagta aatactgtgt gcagtaaatg180
ttgagtatgg attaatgaa ggatacctct acaattattt cctttagtca aggttgtagc240
taagaattgg gcttctgaca tacattcttt ttaattcttt tcgtattggg ttttatagca300
15 ctaaaccctaa tttctaacat atttttacac ctgaaatcta cattctaata taaaggtttt360
ttttataac gttcctaaaa tttcaggccc tcagcaggca gttttgtcc cagttttctt420
caacag 426

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1417 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 35 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

```

gccaaccttc cctcccccaa cctgggggc gccccaggt tcctgcgcac tgccgtgtcc 60
tcctgggtgt cactggcagc cctgtccttc cttagaggac tggaacctaa ttctcttgag 120
45 gctgaggag ggtggagggt ctcaaggcaa cgctggcccc acgacggagt gccaggagca 180
ctaacagtac ccttagcttg ctttccctct cctcctttt tattttcaag ttcttttta 240
tttctccttg cgtaacaacc ttcttccctt ctgcaccact gcccgtaacc ttaccgccc 300
cgccacctcc ttgtacccc actcttgaaa ccacagctgt tggcagggtc cccagctcat 360
gccagcctca tctcctttct tgctagcccc caaagggcct ccaggcaaca tggggggccc 420
50 agtcagagag ccggcactct cagttgccct ctggttgagt tggggggcag ctctgggggc 480
cgtggcttgt gccatggctc tgctgaccca acaaacagag ctgcagagcc tcaggagaga 540
ggtgagccgg ctgcaggga caggaggccc ctcccagaat ggggaagggt atccctggca 600
gagtctccc gagcagagtt ccgatgccct ggaagcctgg gagagtggg agagatccc 660
gaaaaggaga gcagtgtca ccaaaaaaca gaagaatgac tccgatgtga cagagtgat 720
55 gtggcaacca gctcttagg gtgggagagg cctacaggcc caaggatatg gtgtccgaat 780
ccaggatgct ggagtttacc tgctgtatag ccaggctctg tttcaagacg tgactttcac 840

```

catgggtcag gtggtgtctc gagaaggcca aggaaggcag gagactctat tccgatgtat 900  
 aagaagtatg ccctcccacc cggaccgggc ctacaacagc tgctatagcg cagggtgtctt 960  
 ccattttacac caaggggata ttctgagtg cataattccc cgggcaagg cgaaacttaal020  
 cctctctcca catggaacct tcttgggggtt tgtgaaactg tgattgtgtt ataaaaagtgl080  
 5 gtcgccagct tgggaagacca ggggtgggtac atactggaga cagccaagag ctgagtatat1140  
 aaaggagagg gaatgtgcag gaacagaggc gtcttctctg gtttggtctc ccgttcctca1200  
 cttttccctt ttcattccca ccccttagac tttgatttta cggatatctt gcttctgttc1260  
 cccatggagc tccgaattct tgcgtgtgtg tagatgaggg gcgggggacg ggcgccaggc1320  
 attgttcaga cctggtcggg gccactgga agcatccaga acagcaccac catctaacgg1380  
 10 ccgctcgagg gaagcaccgc gcggtttggg cgaagtc 1417

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 15 (A) LÄNGE: 691 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

35 ctgccttccg gtgcgtcgtt tacgccagtt tgaaccaaag acgccaaggt ttgaggccga 60  
 gtccagagc atgggggtctc ggttgtccca gccttttgag tccatatatca ctgcgcctcc120  
 cgttaccgcc gccgcgccgc ccaaacctgc gcccacagct acaccggag cgccgacctc180  
 cccagcagaa caccgcctgt tgaagacctg ctggagctgt cgcgtgcttt ctgggttggg240  
 gctgatgggg gcgggcgggt acgtgtactg ggtggcacgg aagcccatga agatgggata300  
 40 cccccgagt ccatggacca ttacgcagat ggtcatcggc ctcagcattg ccacctgggg360  
 tatcgttgtc atggcagacc ccaaaggga ggcctaccgc gttgtttgaa agtaccacca420  
 gtgaatctgt cttctgtctc tgtecccttc cccgtgacac acagagcagg catggaattt480  
 aatgggtgtt ctggacagac acttgtacat ggacagacat cactactgtg gatactacaa540  
 gactgaaaag aaaatcgtat gttgtcattc tctggctatg gagtgtttgt ggccttcaca600  
 45 gatttcacag gaaccaataa atccctcaga gaagtaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa660  
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a

691

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

- 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 1705 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

```
gattcggcat gaggacagag ccctttttga aaataaattg gcattggagt gttttaccct 60
ctagctgttt tacttagaat gtaacatatg ctgcctaccc acctcaaat gtctgtactg 120
caagagggcc ctgggcctct gctttccata ttcacgtttg gccagagttag tagtcccaaa 180
20 gaagagcatg ggtggcagat ggtagggaat tgaactggcc tgtgcaatgg gcatggagca 240
caaggggtca cagcatgcct cctgccttac cgtggcagta cggagacagt ccagaacatg 300
gtcttcttgc cacggggtgt tgttgtctct ggtgggtctg catgtctgtg gctcaccttt 360
attcttgaaa ctgaggttta cctggatctg gctactgagg ctagagccca cagcagaatg 420
gggttgggcc tgtggccccc caaactaggg ggtgtgggtt catcacagtg ttgccttttg 480
25 tctcctaaag atagggatct acttttgaag ggaattgttc ctcccaata aatttgcttt 540
accttggctc ttctttttgt gccagtattc aagtgggtata gctctgagca gggtcacatt 600
tgcccaaac tgacactgtc ttgtctgcat ctctttggc aaacatcagg gtcagaattc 660
aggatagccc ttcctagggc actggacttt ctggcatggg ggctgtgttt gcacaagtta 720
30 ttttcatgtt acctggagag tgtccagagg ctgctctgag gctgaggtgt gttccccctt 780
gcctggttcc agctgtcaga gggataccat cctaggggtct gggaatccaa ggccacgaga 840
ctccttggtt tgtgttccga gatcctgtac taaggagggt ctggccagag gaacagacca 900
gcttttgcac aatgaagcgc aagggaacaa gtggtttgcc tgggtgtccta cctgtcctga 960
acctggctct gtgggccatt gaaaagttag atctgtgatc tctgggggtt ttgtggcttt1020
35 gttcaatgct tccactctag ggcaggcaga gcagtctata ctctcccaag cctgcttgac1080
ctccaagtag agctgataca gagatctgtg aatattgtga tagaaattct ttggtattca1140
tacatttcag ctgcaagtca gcaatttccc aggtaccatg taagctataa aacagtcatt1200
cttaagaca gaggatagct gtgactcatg ggatcatgag gtccatggct ggttgcaggt1260
tccctttttc ctctctcagg ttttgtctct tctgtgtgtg tccccagcaa gggagagact1320
40 gtggggtgga ttgggagaac agattaggag tatagcaaat gaaccagaa tggaaacagt1380
gggagctaac tgtgaatgag gagagtacct gctgcaggac ctggaggtca ggtgtgaat1440
ctgtattggc acagggaata aatatcctgg cgtctggagc cttcacctct ccgtcaagtc1500
cttctgtga tactgccatg gcacaggatc tgagttgcag ctctgcaccc taaatcacac1560
cctgggcatt gtctgggctg cagggctgcc aggttctgta cttgtgtcca gctgtggccc1620
45 tggatgcccg aaactgggag gggtttcttg tgcccagaat gtagcctgta acgcttgggc1680
gccttttaaa gccccccctg ggccc 1705
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50 (A) LÄNGE: 1516 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

15 gtttattctt agtagttgga actaatgtag tctgactaaa atacacatgg gtgtctgtct 60  
tgtgatgttt aaacttatct gttttgtttg gttttcattt caggaagcag aagtgcagc 120  
aaagcagcaa gcatgaacct taagcactgt gctttaagca tcttgaaaaa tgagtctcca 180  
ttgcttttat aaaatagcag aattagcttt gttcaaaaag aaataggctt aatgttgaaa 240  
taatagatta gttgggtttt cacatgcaaa cattcaaaat gaatacaaaa ttaaaatttg 300  
aacattatgg tgattatggt gaggagaatg ggatattaac ataaaaattat attaataagt 360  
20 agatatcgta gaaatagtgt tgttacctgc caagccatcc tgtatacacc aatgatttta 420  
caaagaaaac acccttccct ccttctgcca ttactatggc aacttaagtg tatctgcagc 480  
tctacattaa aaaggagaaa gagaaataac ctgtctctca ttcctaagtt gcctcattaa 540  
ttttcatgaa caagaatatg tacctttttg atgctatatt actgcgatta aaaagttctt 600  
gcaggtaatg tttatgatat gttaaacgtt gtaatttctt atcgttaatta taacattccc 660  
25 attcttttgt agatgaaact tctacatatt gaaccacaga ttttctgagc ttctaaatgt 720  
agcctttcat tgcacatttc agtgatcaga atagatatcc ttttacacgc acaaaagcaa 780  
tagattcatt cagtggacaa gttccttgtt taactacaca gctatgatgg aatgatatat 840  
ccaagttcct tgcctcagtg aaatatgcat atgtatatca tgaaagtggg atgccaagta 900  
agcttaaaat ggcattctct agcaaagaga ttagactttt aaataactct tataaaacag 960  
30 gttggcgatc atttcccaag attggtttcc cttgagtttt tgctaaaaca aatcttagta 1020  
gttttgcccg tttaaaacaa ctcacaatcg taaatgctac tattcctaag atatcttacc 1080  
tttttatttc agtttagcca tgtattgtat gagtgtatta gtctaagcag tgagaatctt 1140  
ttctatgcct ctattccagc aaaaagtaga agtatcaaat aaaaagggca acttttaaaa 1200  
tattaagcct gaagacttct aaaaagacaa gaaacatggc ctataataacc aacatagatt 1260  
35 tacatagtaa gtttcacact accttattac caaaagcaaa cacctcttac tttaaactac 1320  
attatcatgt atatctattg tatgctggtc tttacttttt gccaaaatca acatataatg 1380  
aagagatgcc tttgtttcat gagattcaaa cttgatgcta tgctttaaaa taaactcagt 1440  
acttttagaa acataaaaaa aaaaaaaaaa aggcgacccc ccgagtagtg ggccgcgcgc 1500  
cggggatttt tccggg 1516

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45 (A) LÄNGE: 1490 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

```

10 gaataaaggg ctggccagac ccagtggcgt cctttccag acctttcttg gcacaaagcc 60
   tttgctgect ggcttgagg ccctgcggcc tacattctct ggacccact atgtgcctgg 120
   caaagggcta gtgccttgag gaaactgagg tagctgggtt ggtccccttc caggaattca 180
   gagtctgggtg gcaggggcat gggaaataga cagatgtaat tctatagcct gggcctggca 240
   ccctccacct ccacgcccc ccagcattgc cttacgcctc ccttgcccca cgttagatgg 300
   tttcttccgg ttttgcactc tggctgcccc ttggagtctc ctggggagct gtaatatctc 360
15 tttggagatt cagattgagc tggcttaggt tgtggcccag gcattgggca ttttgaagc 420
   ccccagggtg tttcagcttg cagccaggcc gagagagagc ccctgagtca gatccccatg 480
   gtttaggcac acctagcggg aggggtggct cctggacccc accgtgggtg gagagctgag 540
   catgtgtgtg gctttagtgg ggtctgttag ttatgggggt ctgggcactg gagctgcagg 600
   acacttgga tcccaggta gaaagggcca gatgagcaac taggaaagac ttggggggcca 660
20 gggcgagtg gggtcacctg acactcttgt gaggccctt ctagtgctg ctcacaccg 720
   aatttcattc actccaagaa gccatcaggg gtaagatacc ttcttttaa cgtcactaag 780
   aaagaagagg cctgccgtg acacagtaag atgccattga tctaaagatg cgtcttgatt 840
   tcagaaaggt ccggaagtgg aaagcaggtt tcagggtctg tgaggtaacag ggttctcctg 900
   taggccccag ggtggtctc aggggtgctg agtgcgtgctg tggtaaatgg atggagccca 960
25 ggggcgcctc ctgccagtgt cctccaggca ctcaaaccta gcccttctga agccgacctc1020
   acgtgacctc acagcccctc ctgaaggcgc ctactgatg acggtgggtg gaataacagc1080
   cccagagat gtccaggttt ggaaccccag gacgtgggaa agtggtacct tgcgtggca1140
   aagggaaccg gcgcctgtgc ttcagttcag gatttcgtg tggggagatg accgtggatg1200
   gttgaggtgg gccctgagta atcatggggg cccttataag ggaaggggag tcacgaggt1260
30 ctgcgcatga agcaaggaa cttctggctg tgaagatggc aagaaggcct ggggccaggc1320
   gatgaggtgg cccctggagg agctggaaaa ggcattggat tctgccccag agcctccgtg1380
   gaaaaacaaa gccgactga caagacttca gcctggtgaa aaccattttg gactcctgac1440
   ctctagaact gtaagataat aaattggtgt ggttttcaac ctctcaaatg 1490

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2513 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

```

ctcgagccga ttcggtttca gcagaaagt atggaaaaag aaactgaaaa gcgcatttct 60
gaaatcgaag atgctgcatt cctggcccga gagaaagcga aacaagatgc tgaatattat 120
5 gctgcacaca aatatgccac ctcaaacaag cacaagttga ccccggaata tctggagctc 180
aaaaagtacc aggccattgc ttctaacagt aagatctatt ttggcagcaa catccctaac 240
atgttcgtgg actcctcatg tgctttgaaa tattcagata ttaggactgg aagagaaagc 300
tcaactccct ctaaggaggc tottgaacct tctggagaga acgtcatcca aaacaaagag 360
agcacagggt gatgcaagag gtggaaatgt tctccatata aagatgtggc ccaaggggtt 420
10 aagtgggaac aatcattata cggactcttc agatttacag agaacttaca ctccatctgt 480
tccacctctc ctgcgatagt cctgggtgct ccactgattg gaggatagag ccagctgtct 540
gacacacaaa tgggtctttc agccacagtc ttatcaagta tcctatatgt attcctttct 600
aaactgctac tcatgaatga ggaaagtctg atgctaagat actgcctgca ctggaatgtt 660
aaacactaaa tatataacaa gctgtgtttt cctaagctga gatctgttga ataattgtta 720
15 cattcgtccc ccggggaaat gtatgctcag ccaccattca agagatgact gagaaggaga 780
tggtaagttc aagaagactg attgcacctg ggacccaggc cctttctttg ggatccagtc 840
ccagccttca tccatgtgat taagatccag gccgctgaag ttcccaggga aatgatcttc 900
cacttgagca accttttact tgatacgatt tgcacctttc tgttttcttg cagtcagggt 960
ggtggccctgc agggacctga gctttgctac ccaaccagat tcctcataga gattcctaatt1020
20 cactagtttc ttgtattcat aaactcagag atacagaggg cttggtttga agttggggtg1080
agatgaaacc tttgctctga gccaaagctc tggggcccttg cattccctgc attgggttgall140
tgactgtcag catcactgcc gcagcatgct tgactaaggt acctgggttt agccacagcc1200
acctccttgt atgttacctt tcagctcttg ccaagagtgg gacaggggtt taaccacaaal260
taggagcagc atgcaattcc tagtgacttg ctgcacagta ttgtatcata attacaggaa1320
25 gtttttattt ttaaaactgg atctggggta tattcatttg ccccatcacc tctgtctaaa1380
ggcccaagtc ctagggtctg catgggtcaca agcacactga tgcctcttaa gattgtttat1440
ctggagccca catagtgtgg aacaaaaagt cacctagaaa gcatccttgg tcatcattgt1500
ctccttccca cctggcccag agatgcttaa atccaagttg tttctccagc tgtcacctcc1560
cccaggagat caggattcca ctgacgtcct ggcagccag tgaatttaat tttccatgag1620
30 aaacaacaga gttaacctgt ggcattagga gacctacttc atgtggacct ttttttct1680
tcagtttaac tttctggag cagtgtgctg cgtagttcgg cctgagtttg tgcagctgtg1740
taagacaact cttgtgtacg ctatgttgaa gctcaacaaa aaagtcatgg gaccacttct1800
agaaatcttt cagctgtcag gcctgtcagt ctcatgacag tttgttggtt gtgccaacaa1860
ctttatttgg gaaaggaaaag cccagatttg aatgggtctt tcccctgggc cttatcctat1920
35 agaggcattt gtaatatgga gaaaataatt tttcattttt gctcatttaa ttctataaa1980
tctctttata aatgaatttt gtgttcttta aaagtacttt tgaattataa2040
aaataaaatc tttacctgtc gaattgttgc tgcagatgat tgttgtggaa aatctggatc2100
attgacctct gtgctttcat tcctagagat gttttatagt tacatgagca aaagctgttg2160
ccccaaagtg atggccctgg agggggggct gaggaacagg gaaatgccgc tgtgaagtct2220
40 taaagcactt ctgcttaaac tcccatgtgt gaggagtgtg cctccctgtg ccctctcagc2280
tctgaggctg gcgctcttc ggggtgttcc ttttgcaaaa tatacactgt aatcttgagt2340
ctaaatttat atgttgaaat gctacctttt ttaaaataag aaactaaata aaattatttt2400
actatcaaaa aaaaagaaaag gggaggggaag ggggaggagg gggtaggagg gggggggggg2460
gaagggggggg aggggaatgt ctcgagaggg ggggggtggg ggcgcctgctg agc 2513
45

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1962 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN



## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

accgaaggcc gcccccttttc gtcttttttt tttttacatt tcaaatatat tttattactt 60  
tccatcttag aaagaatatg aaacctgcat gcaatgctaa tggtttctga catgtacata 120  
gcatataaca cagcagtaca atgcggcata tactgggggg cagtgtgtgg agggggcggt 180  
cttaagggtta tatgtacaga ggaaaggcg catggcatc ttagctttcg aaaggaggact 240  
gcaactgttta acattgaaga attacatggg gaatcacaaa tatattgctt tagtactgca 300  
tgtttctgtt tggtagggga aagaaacatg ctttgaagggt tttccctgtt caacagaatg 360  
tgtgtctgtta gctgtgtatt gcgcatgtat tcatatatat ttaagttttc tcctaagggtt 420  
tttgctgaca gtgttgggaa cctcacatgc ttctgaagca ttaaatattg aacctgtgaa 480  
cctttcagaa atcctcaggt tgggaaagac cccacacctt ctttaaggat catttgtctc 540  
gccatcacag gatcttgaa atgtttccta ggggtgtgaa aaattaacca ggggggaatg 600  
aagcacattt ttctggcaac caaacttgag ttctcagag aacagatgca gagagacctg 660  
ctcctgcttg cccggctaca ggggccactg tggagtcaca ctgaggctgt gaccggccat 720  
aagcccagga gagcccggtg cagctgtgcc gaggcgccag gacctotaag cggaagcttc 780  
ccaagctagg aatggagcaa cactgcaatg aaatgtgtcc accaagctca ttgttcctcc 840  
cgggcgctta taaagctcag atgtatagtg acgtatggac aaatacaaaa aaaaaaaaaa 900  
aaaaaaaaaa aaaaaaagcc tttctttctc acaggcataa gacacaaatt atatattgtt 960  
atgaagcact ttttaccac ggtcagtttt tacattttat agctgcgtgc gaaaggcttc1020  
cagatgggag acccatctct cttgtgtctc agacttcac acaggctgct ttttatcaaa1080  
aaggggaaaa ctcatgcctt tcctttttta aaaaatgcttt tttgtatttg tccatacgtc1140  
actatacatc tgagctttat aagcggcccg gaggaacaat gagcttggtg gacacatttc1200  
attgcagtg tgcctcatte ctactgtgg aagcttcctc ttagaggctc tggcgccctcg1260  
gcacagctgc caggggtct cctgggctta tggccgggtc cagcctcagt gtgactccac1320  
agtggccctt gtagccgggc aagcaggagc aggtctctct gcatctgttc tctgaggaacl380  
tcaagtttgg ttgccagaaa aatgtgtctt attccccctt ggttaatttt tacacaccct1440  
aggaacatt tccaagatcc tgtgatggcg agacaaatga tccttaaaga aggtgtggg1500  
tctttcccaa cctgaggatt tctgaaagg tccacagggtt aatattttaat gcttcagaag1560  
catgtgaggt tcccaacact gtcagcaaaa accttaggag aaaacttaaa aatatatgaal620  
tacatgcgca atacacagct acagacacac attctgttga caagggaaaa ccttcaaagc1680  
atgtttcttt cctcaccac aacagaacat gcagtactaa agcaatatat ttgtgattcc1740  
ccatgtaatt cttcaatgtt aaacagtgc gtcctctttc gaaagctaag atgaccatgc1800  
gccctttcct ctgtacatat acccttaaga acgccccctc cacacactgc cccccagtag1860  
tacgcaggca ttggtaccgg ctggtgttaa aatggctatg ggacatggtc aggaaaccat1920  
ttaggcattg gcattgagg ttccataatc cgtttctaag ga 1962

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 788 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

```

cgttgcccc gccgcgggcg cgagatggat tccgggtgct gggtgttcgg cggcgagttc 60
gaggactcgg tggttcgagga gaggccggag cggcggtcag gaccgcccgc gtcctactgc120
gccaagctct gcgagccgca gtggttttat gaagaaacag aaagcagtga tgatgttgaa180
15 gtgctgactc tcaagaaatt caaaggagac ctggcctaca gacgacaaga gtatcagaaa240
gcaactgcagg agtattccag tatctctgaa aaattgtcat caaccaattt tgccatgaaa300
agggatgtcc aggaaggtca ggctcgggtg ctggctcacc tgggtaggca tatggaggcg360
ctggagattg ctgcaaaact ggaaaaataa gcaaccaaca cagaccattt aaccacggta420
ctctacctcc agcttgctat ttgttcaagt ttgcagaact tggagaaaac aattttctgc480
20 ctgcagaaac tgatttcttt gcatcctttt aatccttgga actggggcaa attggcagag540
gcttacctga atctggggcc agctctttca gcagcacttg cgtcatctca gaaacagcac600
agtttcacct caagtgacaa aactatcaaa tccttctttc cacactcagg aaaagactgt660
cttttgtgtt ttcttgaac cttgcctgag agctctttaa ttttctgtgg aagggatacg720
aggaatggca ggaaaattgg gaagttttgc aaatgtgcc aacctggttg agaaagggg780
25 acaggttt
788

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30 (A) LÄNGE: 299 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

```

50 aacctccctc gaggggaattg atcttcagcc ctcccacctc acaatctaca cagcagcctt 60
gaaggaaaag acgccagact tcagacgtct ctctcctcgc gtctcggaga ccgaggactc120
ccgtaaggtc gcccggtggc cccgatttgt aatgcgggac aacccgggc gcgggggtga180
tcataggggt ctccaggcgc cggggtggat gaaggagggt cggggatggg gggttttgta240
55 aagggggctg tagaaggcgg aaggaaggat gaaatttggg aggggggggg gggggtcac 299

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 2263 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

20

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

25

```

attacgacaa ctctttctaca tgtaagaaa gaaaggtatt ccctgggaag atttcagtga 60
cagtatcaga aacatttgac ccagaagaga aacattccat ggcctatcaa gacttgcata 120
gtgaaattac tagcttggtt aaagatgtat ttggcacatc tgtttatgga cagactgtaa 180
ttcttactgt aagcacatct ctgtcaccaa gatctgaaat gcgtgctgat gacaagtttg 240
ttaatgtaac aatagtaaca attttggcag aaaccacaag tgacaatgag aagactgtga 300
ctgagaaaat taataaagca attagaagta gctcaagcaa ctttctaaac tatgatttga 360
cccttcggtg tgattattat ggctgtaacc agactgcgga tgactgcctc aatgggttag 420
catgcgattg caaatctgac ctgcaaaggc ctaaccaca gagcccttc tgcgttgctt 480
ccagtctcaa gtgtcctgat gcctgcaacg cacagcaca gcaatgctta ataaagaaga 540
gtgtgtgggc ccctgagtgt gcgtgcgtgc cgggctacca ggaagatgct aatgggaact 600
gccaaaagtg tgcatttggc tacagtggac tgcactgtaa ggacaaattt cagctgatcc 660
tcaatttgtt gggcaccatc gctggcattg tcattctcag catgataatt gcattgattg 720
tcacagcaag atcaataaac aaaacgaagc atattgaaga agagaacttg attgacgaag 780
actttcaaaa tctaaaactg cggctcgacg gcttcaccaa tcttggagca gaaggagcg 840
tctttcctaa ggtcaggata acggcctcca gagacagcca gatgcaaaat ccctattcaa 900
gacacagcag catgccccgc cctgactatt agaatacata gaatgtggaa cccgccatgg 960
cccccaacca atgtacaagc tattatttag agtggttaga aagactgatg gagaagttag 1020
caccagtaaa gatctggcct cgggggtttt tcttccatct gacatctgcc agcctctctg 1080
aatggaagtt gtgaatgttt gcaacgaatc cagctcactt gctaaataag aatctatgac 1140
attaatgta gtagatgcta tttagccttg tcagagaggt ggttttcttc aatcagtaca 1200
aagtactgag acaatggtta ggggtgtttt cttaattctt ttcttggtag ggcaacaaga 1260
accatttcca atctagagga aagctcccca gcattgcttg ctcttggtga aacattgctc 1320
ttgagtttaag tgacctaat cccctgggag acatacgcat caactgtgga ggtccgaggg 1380
gatgagaagg gatacccacc accttcaag ggtcacaagc tcaactctctg acaagtcaga 1440
atagggacac tgcttctatc cctccaatgg agagattctg gcaacctttg aacagcccag 1500
agcttgcaac ctagcctcac ccaagaagac tggaaagaga catatctctc agctttttca 1560
ggagggctgc ctgggaatcc aggaactttt tgatgctaag tagaaggcct ggactaaaaa 1620
tgtccactat ggggtgcact ctacagtttt tgaaatgcta ggaggcagaa ggggcagaga 1680
gtaaaaaaca tgacctggta gaaggaagag aggcacaagga aactgggtgg ggaggatcaa 1740
ttagagagga ggcacctggg atccaccttc ttcttaggt cccctctctc atcagcaaaag 1800
gagcacttct ctaatcatgc cctcccgaag actggctggg agaaggttta aaaacaaaaa 1860
atccaggagt aagagcctta ggtcagtttg aaattggaga caaactgtct ggcaagggtt 1920

```

gcgagagggga gcttgtgctc aggagtcacg ccgtccagcc tcgggggtgta ggtttctgag1980  
 gtgtgccatt ggggcctcag ccttctctgg tgacagaggc tcagctgtgg ccaccaacac2040  
 acaaccacac acacacaacc acacacacaa atggggggcaa ccacatccag tacaagcttt2100  
 tacaagtgtt attagtgtcc ttttttattt ctaatgcctt gtcctcttaa aagttatttt2160  
 5 atttgttatt attatttgtt cttgactgtt aattgtgaat ggtaatgcaa taaagtgcct2220  
 ttgttagatg gtgaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 2263

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

## 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1284 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

aaaaatgggc taaactagct ccagagaact tgtgaattct ttgctaaagc ctctggcaaa 60  
 aacggcattt gatgaagcaa ttgctgaatt ggatacgtg aatgaagagt cttataaaga 120  
 cagcactctg atcatgcagt tacttaggga caatctcact ctgtggacat cggaaaacca 180  
 35 gggagacgaa ggagacgctg gggaggggaga gaactaatgt ttctcgtgct ttgtgatctg 240  
 ttcatgttca ctctgtaccc tcaacatata tcccttgtgc gataaaaaaa aaaaaaaaaa 300  
 aaaaaagagt cgtacgtcga ctttcgattt ttcacagcct cagcctagga aaaatggttc 360  
 atgggataaa cagctgggtat ttgtatctaa aactcagatt ggtcacataa atgccacggc 420  
 attccgaagt tttgattttg attaacattg acaggattac tgtgtgttta attttttaa 480  
 40 aactgaacac tgtgattatg gggttttgta atttagcaga actcttactg gtagaaaaaa 540  
 tagacctgaa ttatgtgtaa ctttttgtaa ggtttaatct gatatcaaaa taatcattga 600  
 aatacaattc cattgtaaag ttgtacagaa agttatagag attatattgt gatgctggaa 660  
 cttggagtga gacacacatc atttggcatt tgagttgaat ggtaattcac agtaatgctg 720  
 ccgttggtcg ggacttaaaag acacttgacc tgtttgggct gttgccactt aaaagtccat 780  
 45 gaccacaaat gtccacagtg tcttcctctg aggaaactcg aatcctgaaa tggaaattct 840  
 ttgtggcaga taactggctt atgacacctt gaaaagtcca agtgctcata taacacacca 900  
 cactgaaccc cctttcctac agcaatatgt tcactatgtt accaatttgc aacttgtgct 960  
 tcaatagtgg aatctacttt cattgttaac actgagctaa agaaaaaaag ccgtgtgttt1020  
 tatgaatgac cttatctgtt tcctggataa tacctttaag aataatgtcc tgagtcaggc1080  
 50 gtgggtgggtg gtgcattctag tcccaactat ttgggaggct gaggcaggag gatcgcttgall140  
 gccaggagt ttaaagctgc agtgccctgt ggttgacact gtgaataact gcaactccagc1200  
 ctgggcaaca tagcgagacc tcacttccaa aaaagaaaaa aacacaaaag gatgtgtctg1260  
 taagaggctt ccctggggga ccag 1284

## 55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1335 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

5 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

```

gggtgacata atgacagggt aaatatttgt gattcattga ttaaataatta tttaaagaaa 60
tgtaaaattca caataagggt tgaaaattat ttggtttcat ccattgtctc ttatttcagg 120
25 accaagcagc aaactgcagt agtttgtgaa ggattctaata atgggggttca ggaatagcct 180
ctcaacgcta ctaattcaga tctctcccag agaactactg gatttcctca taattgacaa 240
acatgagtga ccacctcttt ggggtggctac tgtagaaaat ggctgtgtgc atgttttctg 300
gacttttgcca gccaacagat cctgcccagg ttttggaat acttctatta cctcgctgct 360
acttttctgc agggataaaa cttttgaggt ggccagacc agaacatcca aggattcctg 420
30 ttacagtgtc acagtataca ctgctcattt atcctattct catgtgcttt cttctttagt 480
aagattattt taagaaaata agtgatattt aaagtccaaa gaggaatgat cacagttgta 540
taaggggtgt tttcccactt gaactctgat gtcagtcgac tgtgggtcag agctacaacc 600
atctgttttg tttgatgttt tgggtggttta cttacggagt ggggatagtg tgagacctaa 660
ttccctgtgc aaatgtctct tattccagaa atgtgcattt tgatcatctat aagcaagaaa 720
35 tatgggcata gcagctcttg gtttaaagtt tgccataacc tggtcatgtt tgttttaagc 780
tcaggtaaag ataacctcct ctttctatga ctccagtttc cattcagggt atagtattat 840
tcaatagttg attttctttt taagctgggc aataaattga tgtttccaga tggtaacatg 900
ggagagggca tataggataa agatgagcaa attctaccct aaaaatgttc tagtagttca 960
caggaagaag atgaggttta ataacttca aggtaattct agattgacat ttgagggga1020
40 aaatgggctc ttgttctagt tgaagtgagc agagaaggct ataaattaat atgtaactta1080
cagcattcca gaggttaaaa ataactgatg cagatgtact tcttcagtggt gattcttcag1140
atcaaaacttt tacttttggc atagttaatt tcagaaaaat gtgctgtatg tgtgtgtgta1200
tgagggttgg tcttgctgat ccttcagtta gctctaaatt ctggcaactc cttgtaattc1260
ccatgtattt gataccatga accaatcatg ttgaatgcgt ttggtgatct ggggagcctc1320
45 ccccgctcttc ccagg
1335

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50 (A) LÄNGE: 1890 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

```

15  ggcttgtggc ggctctgcc caggggcagg tgttgagggg ctcccggtcc ggctgccgcc 60
    gctccccgc tccggaccgc gggctcccc tagcgccgct gaggagccgc ctctgccgtc 120
    caggagggcg caggagcgcg actgagagcg cctggaggct cgagcagagg atagaaggac 180
    aaggacagaa tcaccagcac tggctgaagg taccttaaca tggggaatct tcttaaagtt 240
    ttgacatgca cagaccttga gcaggggcca aattttttcc ttgattttga aaatgccagc 300
20  cctacagagt ctgagaagga aattttataat cagggtgaatg tagtattaaa agatgcagaa 360
    ggcattcttg aggacttgca gtcatacaga ggagctggcc acgaaatacg agaggcaatc 420
    cagcatccag cagatgagaa gttgcaagag aaggcatggg gtgcagttgt tccactagta 480
    ggcaaatata agaaatttta cgaattttct cagaggttag aagcagcatt aagaggtctt 540
    ctgggagcct taacaagtac cccatattct cccacccagc atctagagcg agagcaggct 600
25  cttgctaaac agtttgcaga aattcttcat ttcacactcc ggtttgatga actcaagatg 660
    acaaatcctg ccatacagaa tgatttcagc tattatagaa gaacattgag tcgtatgagg 720
    attaacaatg taccggcaga aggagaaaat gaagtaaata atgaattggc aaatcgaaatg 780
    tctttgtttt atgctgagcg aactccaatg ctgaaaacct tgagtgatgc cacaacaaaa 840
    tttgtatcag agaataaaaa tttaccaata gaaaatacca cagattgttt aagcacaatg 900
30  gctagtgtat gcagagtcac gctggaaaca ccggaatata gaagcagatt tacaatgaa 960
    gagacagtgt cattctgctt gagggtaatg gtgggtgtca taatactcta tgaccacgta1020
    catccagtgg gagcatttgc taaaacttcc aaaattgata tgaaaggttg tatcaaagtt1080
    cttaaggacc aacctcctaa tagtgtggaa ggtcttctaa atgctctcag gtacacaacall140
    aacatttga atgatgagac tacctccaag caaattaaat ccattgctga ataacaattc1200
35  tggaataagc acctgctgta gacagaagac agtattctgc aatgactgag aatgcagttt1260
    tttagtgtat gcaattacta tctcatttat tcttgctttt atttctttcc tctgttctct1320
    ttccctcttt ttaaatcatg ttcttaagac ttcttttctg tgccaaaatc agtaaagttal1380
    cactctgaag ggatatcatc ctttcaaacg ggccatctaa ggcagctaat tatgcattgc1440
    attgggtgtc ctactgagaa aaattctgtg acttgaacta aatattttta aatgtggatt1500
40  ttttttgaac ctaatattta atattgcttc tctgcatgg caaaaactgcc tattctgcta1560
    tttaaaaacc ctcaatgact ttattttcta ctgccgcctt tttcatgtgc aaccaaattg1620
    aaaatgttta aattaactgt gttgtacaaa tggtaaccaa cacaaacttt ttttaaatta1680
    gtaatacttt tgtttaaagt ttttaagttt cattttgact ttttttgtaa ggatgtatgt1740
    tgtgtgttta acctttatta actaacgtta aaagctgtga tgtgtgcgta gaatattacg1800
45  tatgcatgtt catgtctaaa gaatggctgt tgatgataaa ataaaaatca gcttttcattt1860
    ttctaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa

```

1890

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1829 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

```

15  gaccaacctg acgcagatcg agctgcgggg caaccggctg gagtgcctgc ctgtggagct 60
    gggcgagtgc ccactgctca agcgcacggc ttggtggtgg aggaggacct gttcaacaca 120
    ctgccaccgg aggtgaagga gcggtgtggt agggctgaca aggagcaggc ctgagcgagg 180
    ccggccccagc acagcaagca gcaggaccgc tgcccagtc tccaggcccg aggggcaggc 240
    ctagcttctc ccagaactcc cggacagcca ggacagcctc gtggctgggc aggagcctgg 300
20  ggccgcttgt gagtgcaggc agagcgagag gacagtatct gtggggctgg ccccttttct 360
    ccctctgaga ctcacgtccc ccagggcaag tgcttgtgga ggagagcaag tctcaagagc 420
    gcagtatttg gataatcagg gtctcctccc tggaggccag ctctgcccc ggggctgagc 480
    tgccaccaga ggtcctggga cctcacttt agttcttggg atttattttt ctccatctcc 540
    cacctccttc atccagataa cttatacatt cccaagaaag ttcagcccag atggaagggt 600
25  ttcaggaaaa ggtgggctgc ctttccctt gtctcttatt tagcgatgcc gccgggcatt 660
    taacacccac ctggacttca gcagagtggg ccggggcgaa ccagccatgg gacggtcacc 720
    cagcagtgcc gggctgggct ctgcggtgcg gtccacggga gagcaggcct ccagctgga 780
    aggccaggcc tggagcttgc ctcttcagta tttgtggcag ttttagtttt ttgttttttt 840
    ttttttaatc aaaaaacaat ttttttaaaa aaaaaagctt tgaaaatgga tggtttgggt 900
30  attaaaaaga aaaaaaaaaa ttaaaaaaaa aaagacacta acggccagtg agttggagtc 960
    tcagggcagg gtggcagttt cccttgagca aagcagccag acgttgaact gtgtttcctt1020
    tccctgggcg cagggtgcag ggtgtcttcc ggatctgggt tgaccttggg ccaggagttc1080
    tatttgttcc tggggaggga gttttttttg gtgtcttgtt ttctttctcc tccatgtgtc1140
    ttggcaggca ctcatctctg ttgctgtcgg ccagagggaa tgttctggag ctgccaaggal1200
35  gggaggagac tcgggttggc taatcccccg atgaacggtg ctccattcgc acctcccctc1260
    ctctgacctg cctgcctctt ccacgcacag tgtaaggag ccaagaggag ccacttcgcc1320
    cagactttgt ttccccaccg cctgcggcat ggggtgtgtc agtgccaccg ctggcctccg1380
    ctgcttccat cagccttgtc gccacctggt ccttcagaa gagcagacac ttagaggctg1440
    gtcgggaatg gggaggtcgc ccctgggagg gcaggcgttg gttccaagcc ggttccgctc1500
40  cctggcgctt ggagtgcaca cagcccagtc ggcacctggt ggctggaagc caccctgtct1560
    tagatcactc ggttccccac cttagaaggg tccccgcctt agatcaatca cgtggacact1620
    aaggcacgtt ttagagtctc ttgtcttaat gattatgtcc atccgtctgt ccgtccattt1680
    gtgttttctg cgtcgtgtca ttggatataa tcctcagaaa taatgcacac tagcctctga1740
    caaccatgaa gcaaaaatcc gttacatgtg ggtctgaact tgtagactcg gtcacagtat1800
45  caaataaaat ctataacaga aaaaaaaaaa
                                     1829

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50

(A) LÄNGE: 2358 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

```
15 cgaaacgccg cggagtggagg cagttccgct ggctagtgtg tacgcggcga gcttctcccg 60
   gcgcgcgccg ctcggctccc atagcgcccg cgacagggtc cggacgccgc ccgaacatgg 120
   actccgcgcg ccaagatata aacctgaatt ctccatacaa aggtctgctg tctgactcca 180
   tgacggatgt tcctgtcgac acaggtgtgg ctgcccggac tcctgctgtt gagggctctga 240
   cagaggctga ggaggaggag ctccagggtg agcttaccac ggtggaagag gaaattgtca 300
   ctctgcgcca ggtcctggca gcccaaggaga ggcactgtgg agagctcaag aggaggctgg 360
   gcctctccac cctgggggag ctgaaacaga acctgtccag gagctggcat gacgtgcagg 420
   tctctagcgc ctatgtgaaa acttctgaga aacttgaga gtggaatgag aaagtgacct 480
   agtcagacct ctacaagaag actcaggaaa ctcttcaca ggcaggacag aagacttcag 540
   ctgcccgtgc cacagtgggc totgccatca gcaggaaagt tggagacatg aggaactctg 600
   cgaccttcaa gtctgttgag gaccgagttg gcaccataaa gtctaagggt gtgggtgaca 660
   25 gagagaacgg cagtgacaac ctcccttcct cagcggggag tggtagacaag cccctgtcgg 720
   atcccgacac tttctaagcc tgtggttgc taccgcgtg cagagcacac gcaacccagc 780
   ctcagcatca cagccgcagc tctgttcagc ggagcagcca gccaggcgcg atgagcagag 840
   ccggccctga ggacagtcct gcccatccac gcggagatgt ggctgccgcg ttgcatgaa 900
   tttgaagaac acaggcttgt acacagatgt tttacactca cgtttgtaga tgaaacagat 960
   30 cactgtgctg tccttcctag ggggtcagga agtgagacag gcggagggtt tgaaagaata1020
   ttgagccaaa gccaggtct cctttgggaa tcatgttagc ccatcagaat gttgaaggat1080
   tgaagagttc taagcataaa ataagtggca tttctgact tcttcctcct cctccttccc1140
   tgactcacag aaggaatgca atcaccacagc aagtcctacc tgttacgcaa ttttttatct1200
   caaaatgccg aacgagaaaa ctgtccattt tctgagaccc ccagaaagga aactgacct1260
   35 cagcagctgc ctgattgtta cgcgaatcta gctttaacgg aagcaaattc attatttttt1320
   aaatgcagtg gacttttcaa aaagttaaaa ttaggcaaa cagcttttagc ctcatagaat1380
   attatttctt tggactcaag ctgaaataca agccttacct tgccttatgc tttatttctt1440
   tctaattttt atatgtatat agatgagggg tccttaattg ttgtgagcat tgtgtggaat1500
   tttacacctg gcctgcgtgg cagcctcttc cagttgaggt gttttatgtc acgcacactc1560
   40 catccagtg taaaaacct gcttctcttc tcaaccgtgg cagctcccgc tggctcctat1620
   gccctgccct aaagggtct tgaacctctg ggaatgggag gggccaagag aaggaaaacc1680
   ctgtctttag caccctttaa aagaactgtg ccccccttct cagtgtctgc tttgcatggg1740
   cctggcccg ctcgcatteg tcagtgaact caacctcct gcttgctgta cttgggatga1800
   aacgacccca caggtcaggt ggagggtggg gcgtgggcat cagccaggat tgccgttaca1860
   45 gtctttttct caggagctac aaagatctct tcctgttact aaatggctgc accccagcag1920
   cctctctcgc acaccggggc cctgcatgtc agatggcgtg gtctgcaggg ggagctctgt1980
   gccttagtgg ctcttggcag gacactgagg gcctgcctgt ggtgtgcccg gctctgccac2040
   tcccgggagg ggaagggtct ctcagctcaa ggtgtcctgt tcggtagagc aagtgtcctc2100
   tgacagccgt gtccccggac agttcagaca ccttgggga tggcactcca cacacgacag2160
   50 agatgcaggg gccagggaag ccagcgcctc ggtgccttc gtccagggtt aaaatcggcc2220
   tgtgggtgt ggtgagaagg caggtgtgtc ggtgttgac cgatgtatct tttccttaaa2280
   gttattataa taatgggtaa tttgtcaata aagcattcct ttgggggaaa aaaaaaaaaa2340
   aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2358
```

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1646 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure



(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

20 cagctgcgga actgcgcat tgtggttccc gccgtatttc ccgttcccca tctagtaact 60  
cccattctcag cccacgtatc tccctgagtg gaaatctcgg gccccagacc agtcgattgg 120  
gaggtccgcc ctccccctca gcgacttggg ctgtgttttg gcagttgccc cgacaacagt 180  
cacttccggg aaggggggtct gcgaatctcc ttccgtcggg ccgctcagaa tcagctgtcc 240  
tctcagactg tgtgggtggg ttccccggcc gcagctccgt acgggcttgg attgctgggc 300  
25 ctgggtgcac cccagcctcc cccactcggg ttctgagctt gagctggcgg ctctttaact 360  
ctgcttcaact gttgctcttg gcaacatcca ctcccgagg cgagtgcggt ttccccgct 420  
caccgcgggc tagggagcgt gggattccgg actgtgagcg gctgttagtg cgtcgcagct 480  
gctggcgatc cggcgaccct cggccggcag gaccgcggg ccacgcagcc ggggccttct 540  
caacgcctca gtacctcggc gggaccgcca tggttctgct gcacgtgaag cggggcgacg 600  
30 agagccagtt cctgctgcag gcgcctggga gtaccgagct ggaggagctc acggtgcagg 660  
tggcccggt ctataatggg cggctcaagg tgcagcgct ctgctcagaa atggaagaat 720  
tagccgaaca tggcatattt ctccctccta atatgcaagg actgaccgat gatcagattg 780  
aagaattgaa attgaaggat gaatgggggtg aaaaatgcgt acccagcgga ggtgcagtgt 840  
ttaaaaagga tgatattgga cgaaggaatg ggcaagctcc aaatgagaag atgaagcaag 900  
35 tgttaaagaa gactatagaa gaagccaaag caataatatc taagaaacaa gtggaagccg 960  
gtgtctgtgt taccatggag atggtgaaag atgccttggg ccagcttcga ggcgcggtga 1020  
tgattgttta ccccatgggg ttgccaccgt atgatccat ccgcatggag tttgaaaata 1080  
aggaagactt gtcgggaaca caggcagggc tcaacgctat taaagaggca gaggcgact 1140  
gtggtgggca gccaaaggagc tgagaagaac gaagaagctt tcagactacg tggggaagaa 1200  
40 tgaaaaaacc aaaattatcg ccaagattca gcaaagggga caggagctc cagcccagaa 1260  
gcctattatt agcagtggag agcagaagca gctgatgctg tactatcaca gaagacaaga 1320  
ggagctcaag agattggaag aaaatgatga tgatgcctat ttaaactcac catgggcgga 1380  
taacactgct ttgaaaagac attttcatgg agtgaaagac ataaagtggg gaccaagatg 1440  
aagttcacca gctgatgaca cttccaaaga gattagctca cctttctcct aggcaattat 1500  
45 aatttataaaa aaaaaaaaag gccacttact gccctctgta aaagatgtta acatttctag 1560  
ttttctttta gtgtgaattt ttaaaatagc agttattcaa ggtttttagaa cttaataaat 1620  
acctagtcag aagaaaaaaa aaaaaa 1646

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 3096 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
55 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

gcgggtgacg cgacgacggc tcgacacttt gctacggagt gcatcggacg tcgaagccta 60  
gagttctctgc gtctttccct ctcccgctgc ctcatctcct tccttcctag ccttggtcgt 120  
cgccgccacc atgaacaaga agaagaaacc gttcctaggg atgcccgcgc ccctcggtta 180  
20 cgtgccgggg ctgggcccgg gcgccactgg cttcaccacg cggtcagaca ttggggccgc 240  
ccgtgatgca aatgacctg tggatgatcg ccatgcaccc ccaggcaaga gaaccgttg 300  
ggaccagatg aagaaaaatc aggtctgctga cgatgacgac gaggatctaa atgacacca 360  
ttacgatgag ttaaatggct atgctgggag cctcttctca agtggaccct acgagaaaga 420  
tgatgaggaa gcagatgcta tctatgcagc cctggataaa aggatggatg aaagaagaaa 480  
25 agaaagacgg gagcaaaggg agaaagaaga aatagagaaa tatcgtatgg aacgccccaa 540  
aatccaacag cagttctcag acctcaagag gaagttggca gaagtcacag aagaagagt 600  
gctgagcatt cccgaggttg gcgatgccag aaataaacgt cagcggaaac cagctatga 660  
gaagctgacc cctgttctct acagtttctt tgccaaacat ttacagaccg gagagaacca 720  
tacctcagtg gatccccgac aaactcaatt tggaggtctt aacacaccct atccaggttg 780  
30 actaaacact ccatacccag gtggaatgac gccaggactg atgacacctg gcacagtga 840  
ctggacatga ggaagatttg ccaagcgagg aacactctga tggacatgag gctgagccag 900  
gtgtctgact ccgtgagtg acagaccgtc gttgaccca aaggctacct gacggattta 960  
aattccatga tcccgacaca cggaggagac atcaatgata tcaagaaggc gcgactgctc 1020  
ctcaagtctg ttcgggagac gaacctcat caccgcccag cctggattgc atcagcccgc 1080  
35 ctggaagaag tcaactggga gctacaagta gctcggaacc ttatcatgaa ggggacggag 1140  
atgtgcccc aagtggaaga tgtctggctg gaagcagcca ggttgacgcc tggggacaca 1200  
gccaaggccg tggtagccca agctgtccgt catctccac agtctgtcag gatttacatc 1260  
agagccgcag agctggaaac ggacattcgt gcaaagaagc gggttcttcg gaaagccctc 1320  
gagcatgttc caaactcgtt tcgcttggtg aaagcagccg ttgagctgga agaacctga 1380  
40 gatgctgaaa tcatgctgag ccgagctgtg gagtgtgccc ccaccagcgt ggagctctgg 1440  
cttgtctctg caaggctgga gacctatgaa aatgcccgca aggtcttgaa caaggcgcgg 1500  
gagaacattc ctacagaccg acatatctgg atcacggctg ctaagctgga ggaagccaat 1560  
gggaacacgc agatggtgga gaagatcatc gaccgagcca tcacctcgct gcgggccaac 1620  
ggtgtggaga tcaaccgtga gcagtggatc caggatgccg aggaatgtga cagggtggg 1680  
45 agtgtggcca cctgccaggc cgtcatgctg gccgtgattg ggattgggat tgaggaggaa 1740  
gatcggaagc atacctgat ggaggatgct gacagttgtg tagcccaaa tgccctggag 1800  
tgtgcacgag ccactctacg ctacgcccgt caggtgttcc ccagcaagaa gagtgtgtgg 1860  
ctgcgcgcgc cgtacttcga gaagaacctt ggactcggg agtccctgga agcactcctg 1920  
cagagggctg tggcccactg ccccaaagca gaggtgctgt ggctcatggg cgccaagtcc 1980  
50 aagtggcttg caggggatgt gcctgcagca aggagcatcc tggccctggc cttccaggcc 2040  
aaccccaaca gtgaggagat ctggtgcca gccgtgaagc tggagtccga gaatgatgag 2100  
tacgagcggg cccggaggct gctggccaag gcgcggacag tgccccacc gcccggtgtg 2160  
tcattgaagtc tgtgaagctg gagtgggtgc aagacaacat cagggcagcc caagatctgt 2220  
gcgaggaggg cctgcggcac tatgaggact tcccgaagct gtggatgatg aaggggcaga 2280  
55 tcgaggagca gaaggagatg atggagaagg cgcgggaagc ctataaccag gggttgaaga 2340  
agtgtcccca ctccacaccc ctgtggcttt tgctctctcg gctggaggag aagattgggc 2400  
agcttactcg agcacgggcc attttgaaa agtctcgtct gaagaaccca aagaacctgt 2460  
ggctgtggtt ggagtccgtg cggctggagt accgtgcggg gctgaagaac atcgcaataa 2520  
cactcatggc caaggcgtg caggagtgcc ccaactccgg tatcctgtgg tctgaggcca 2580

tcttcctcga ggcaaggccc cagaggagga ccaagagcgt ggatgccctg aagaagtgtg2640  
 agcatgaccc ccatgtgctc ctggccgtgg ccaagctgtt ttggagtcag cggaagatca2700  
 ccaaggccag ggagtgggtc caccgcactg tgaagattga ctcggaacctg ggggatgcct2760  
 5 gggccttctt ctacaagttt gagctgcagc atggcactga ggagcagcag gaggaggtga2820  
 ggaagcgtg tgagagtga gagcctcgcc atggggagct gtggtgcgcc gtgtccaagg2880  
 acatcgccaa ctggcagaag aagatcgggg acatccttag gctggtggcc ggccgcatca2940  
 agaacacctt ctgattgagc ggttgccatg gccggtctcc gtggggcagg gttgggccc3000  
 atgtggaagg gctctgagct gtgtcctcct tcattaaaag tttttatgtc tcgtgtcaga3060  
 aaaaaaaga aaagaaaaaa gggggcgccc gggggc 3096

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1906 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

35 gcgctcgctg aggcaagagg agggcactcg gccgcggcct gacagggact tagcccacag 60  
 agaccggccc gcgcgcgcga ccccacaccc acccactcgt ccacctaccc actccccgcg 120  
 ccgcctcctc ccaccctgag cagagccacc gaggatgata aacacccagg acagtagtat 180  
 tttgcccgtg agtaagtgtc cccagctcca gtgctgcagg cacattgttc cagggcctct 240  
 gtggtgctcc tgatgcccct caccactgt cgaagatccc cgggtggcga gggggcggca 300  
 40 gggatccttc tctctcagct ctaatatata aggacgagaa gctcactgtg acccaggacc 360  
 tccctgtgaa tgatggaaaa cctcacatcg tccacttcca gtatgaggtc accgaggtga 420  
 aggtctcttc ttgggatgca gtccctgtcca gccagagcct gttttagtaa atcccagatg 480  
 gattattagc tgatgggagc aaagaaggat tgtagcact gctagagttt gctgaagaga 540  
 agatgaaagt gaactatgtc ttcactgtct tcaggaaggg ccgagaagac agagctccac 600  
 45 tccctgaagac cttcagcttc ttgggctttg agattgtacg tccaggccat cctgtgtcc 660  
 cctctcgccc agatgtgatg ttcattggtt atccctgga ccagaacttg tccgatgagg 720  
 actaatagtc atagaggatg ctttaccxaa gagccacagt gggggaagag ggggaagttag 780  
 gcagccctgg gacagacgag agggctcctc gctgtctagg gaaggacact gaggggctca 840  
 ggggtagggg tgccatttgt gttctcggag ttgactogtt gaaattgttt tccataaaga 900  
 50 acagtataaa catattattc acatgtaatc accaatagta aatgaagatg tttatgaact 960  
 ggcattagaa gctttctaaa ctgcgctgtg tgatgtgttc tatctagcct aggggaggac1020  
 attgcctaga gggggaggga ctgtctgggt tcaggggcat ggcttgagg gctggtgggc1080  
 agcactgtca ggctcagggt tccctgctgt tggctttctg ttttggttat taagacttgt1140  
 gtattttctt tctttgcttc ctgtcaccoc aggggctcct gagtataggc ttttcagtccl1200  
 55 ctgggcagtg tccctgagtt gttttttgac actcttacct gggcttctct gtgtgcattt1260  
 gcgtctggcc tggagtaagc aggtccgacc cctccttctt tacagcttag tggtattctg1320  
 gcatttggtt aagctggctt aatctgttta atgttatcag tacattttta ataggggcat1380

tgaattttac tcccaccacc agggcttttt tgggggatgc ctgggccttt aaaacactag1440  
 ccaaactcta attaatctc aaatcactgc caggagttct tgctcctggc tgcaggccca1500  
 ggccccaagg tctccttctt ggggtcacaa acagcagtaa ggaagaggaa tatatagca1560  
 5 ctcagggcct gggaattgtg gggcaatccg ttcttaggga ctggatactt ctggctggct1620  
 gagtatagta ctagctgcct ccccaccagg ttccgagtag tgtctgagac tctgctctgc1680  
 agggcctagg gtagcgtgg gagtgtagaa gtggcctgcc cttaactgtt ttcactaaac1740  
 agctttttct aaggggagag caagggggag agatctagat tgggtgaggg ggacggggat1800  
 gtcaggagg caagtgtgt gtgttactgt gtcaataaac tgatttaaag ttgtaaaaa1860  
 10 aaaagaaagg gggggggtgg aggggagggg gggggaaaag aaaaaa 1906

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 15 (A) LÄNGE: 349 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 20 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 25 (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90
- 35 gctaagagga caagatgagg cccggcctct catttctcct agcccttctg ttcttccttg 60  
 gccaagctgc aggggatattg ggggatgtgg gacctcaat tcccagccc ggcttcagct120  
 ctttcccagg tgttgactcc agctccagct tcagctccag ctccaggteg ggctccagct180  
 ccagccgcag cttaggcagc ggaggttctg tgtccagtt gttttccaat ttcaccggct240  
 ccgtggatga ccgtgggacc tgccagtgt ctgtttccct gccagacaac aactttccc300  
 40 tggacagagt ggaacgttgg aattcacagc tcatagttat ttctcagag 349

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 45 (A) LÄNGE: 2142 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

```

cagacccaga aagtagtgac cagccctcct cggattaccc ttcatagggt cctcccttgc 60
gccgcccacc ctccagattt gcataaaaaa ggccaagaaa actctggctg tgccccagca 120
acggctcatt ctgctccccc gggtcggagc ccccgaggagc tgcgcgcggg cttgcagcgc 180
15 ctgccccgcg ctgtcctccc ggtgtccgcg ttctccgcgc cccagccgccc ggctgccagc 240
ttttcggggc cccgagtcgc acccagcgaa gagagcgggc ccgggacaaag ctcgaaactcc 300
ggccgcctcg ccttcccccg gctccgctcc ctctgccccc tcggggctgc gcgcccacga 360
tgctgcaggg ccttggtctg ctgctgctgc tcttctctgc ctgcactgc tgctgggct 420
cggcgcgcgg gctcttcttc tttggccagc ccgacttctc ctacaagcgc agaattgcaa 480
20 gccatccccg gccaacctgc agctgtgcca cggcatcgaa taccagaaca tgcggctgcc 540
caacctgctg ggccacgaga ccatgaagga ggtgctggag caggccggcg cttggatccc 600
gctggtcatg aagcagtgcc acccggaacc caagaagttc ctgtgctcgc tcttcgcccc 660
cgtctgcctc gatgacctag acgagaccat ccagccatgc cactcgtctc gcgtgcagg 720
gaaggaccgc tgcgccccgg tcatgtccgc cttcggcttc ccttgcccgc acatgcttga 780
25 gtgcgaccgt tccccccagg acaacgacct ttgcatcccc ctgctagca gcgaccacct 840
cctgccagcc accgaggaag ctccaaaggt atgtgaagcc tgcaaaaata aaaatgatga 900
tgacaacgac ataattgaaa cgctttgtta aatgatttt gcactgaaaa taaaagtga 960
ggagataacc tacatcaacc gagataccaa aatcatcctg gagaccaaga gcaagaccat1020
ttacaagctg aacggtgtgt ccgaaaggga cctgaagaaa tcggtgctgt ggctcaaaga1080
30 cagcttgacg tgcacctgtg aggagatgaa cgacatcaac gcgccctatc tggctcatggg1140
acagaaacag ggtggggagc tgggtgatcac ctcggtgaag cgggtggcaga aggggcagag1200
agagttcaag cgcattctcc gcagcatccg caagctgcag tgctagtccc ggcatcctga1260
tggctccgac aggcctgctc cagagcacgg ctgaccattt ctgctccggg atctcagctc1320
cggttcccca agcacactcc tagctgctcc agtctcagcc tgggcagctt cccctgcct1380
35 tttgcacgtt tgcattccca gcatttctct agttataagg ccacaggagt ggatagctgt1440
tttcacctaa aggaaaagcc caccggaatc ttgtagaaat attcaaaacta ataaaatcat1500
gaatattttt atgaagtta aaaatagctc actttaaaagc tagttttgaa taggtgcaac1560
tgtgacttgg gtctggttgg ttgttgtttg ttgttttgag tcagctgatt ttcacttccc1620
actgaggttg tcataacatg caaattgctt caattttctc tgtggcccaa acttgtgggt1680
40 cacaaccct gttgagataa agctggctgt tatctcaaca tcttcacag ctccagactg1740
agactcagtg tctaagtctt acaacaattc atcattttat acctcaatg ggaacttaaa1800
ctgttacatg tatcacattc cagctacaat acttccattt attagaagca cattaacct1860
ttctatagca tgatttcttc aagtaaaagg caaaagatat aaattttata attgacttga1920
gtactttaag ccttgtttaa aacatttctt acttaacttt tgcaaatata acccattgta1980
45 gcttacctgt aatatacata gtagtttacc tttaaaagtt gtaaaaatat tgctttaacc2040
aacactgtaa atatttcaga taaacattat attcttgtat ataaacttta catcctgttt2100
tacctataaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaggg aa
2142

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1111 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

```
15  cgtgggcgaa catgggagct gttcctcgcg ggccgcggg tgctggtcac cggggcaggc 60
    aaaggtatag ggcgcggcac ggtccaggcg ctgcacgcga cgggcgcgcg ggtgggtgct 120
    gtgagccgga ctccaggcga tcttgacagc cttgtccgcg agtgcccggg gatagaacct 180
    gtgtgcgtgg acctgggtga ctgggaggcc accgagcggg cgctgggcag cgtgggcccc 240
    gtggacctgc gcggagactg cgccgacatg gagctgttcc tcgcgggccc ccgggtgctg 300
20  gtcaccgggg caggcaaagg tatagggcgc ggacaggctc aggcgctgca cgcgacgggc 360
    gcgcgggtgg tggctgtgag ccggactcag gcggatcttg acagccttgt ccgcgagtgc 420
    ccggggatag aaccgcgtgt cgtggacctg ggtgactggg aggccaccga gcgggcgctg 480
    ggcagcgtgg gccccgtgga cctgctgggt aacaacgcgc ctgtcgcctt gctgcagccc 540
    ttcctggagg tcaccaagga ggcctttgac agatcctttg aggtgaacct gcgtgcggtc 600
25  atccaggtgt cgcagattgt ggccaggggc ttaatagccc ggggagtcgc aggggccatc 660
    gtgaatgtct ccagccagtg ctcccagcgg gcagtaacta accatagcgt ctactgctcc 720
    accaagggtg ccttgacat gctgaccaag gtgatggccc tagagctcgg gccccacaag 780
    atccgagtga atgcagtaaa ccccacagtg gtgatgacgt ccattggcca ggccacctgg 840
    agtgaccccc acaaggccaa gactatgctg aaccgaatcc cacttgcaa gtttgctgag 900
30  gtagagcacg tgggtgaacgc catcctcttt ctgctgagtg accgaagtgg catgaccacg 960
    ggttccactt tgccggtgga agggggcttc tgggcctgct gagctccctc cacacacctc 1020
    aagccccatg ccgtgctcat cctaccccca atccctccaa taaacctgat tctgctgccc 1080
    aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa g                                     1111
```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 657 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

5 atttaaagcc tggattgtaa ccagattttc ttttttcccc cttctcagct gtagatatga 60  
 tatctccttt cagggcccca gcttaagggc aaagtgagtt aatgtgtaga caaaggcgag120  
 ggacaagaga gagttaacat ctgacagtg gaaaaagcca tgggtgtgtg tttctggga180  
 ccaccaacac ttgcagggtt agctttttcc cagggttgac tacaagaaag aaaaccatgt240  
 ttttgcaaga ttaaaatgtg gttgagtggt cctaaattaa ccatcccat tttatcata300  
 10 tttccaccat cacttcaggg ttttaagagt cagtgtcac ctgggaggac tggtagtaca360  
 ttttgcttct tagaaagcta agtcctgggt tccgtctgat tttagggtcc aggaacttcc420  
 tgagaacacc cgatcgaga gggtaatttt ctggagtttg ttttgaggg atagctggga480  
 gtatggccac cctgtccac gatgcggtta tgaatccagc agaagtgggt aagcagcgct540  
 tgcagatgta caactcgag caccggtcag caatcagctg catccggacg gtgtggagga600  
 ccgaggggtt gggggccttc taccggagct acaccagcc gagccctatc tcgtgcc 657

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 863 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

40 gcggtcggta gtgcggcgct gtttaaagat ggcggcggag gaacctcagc agcagaagca 60  
 ggagccgctg ggcagcgact ccgaagggtg taactgtctg gcctatgatg aagccatcat120  
 ggctcagcag gaccgaattc agcaagagat tgctgtgcag aacctctctg tgtcagagcg180  
 gctggagctc tcggtcctat acaaggagta tgctgaagat gacaacatct atcaacagaa240  
 gatcaaggac ctccacaaaa agtactcgta catccgcaag accaggcctg acggcaactg300  
 45 tttctatcgg gctttcggat tctcccactt ggaggcactg ctggatgaca gcaaggagtt360  
 gcagcgggtc aaggctgtgt ctgccaaag caaggaagac ctggtgtccc agggcttcac420  
 tgaattcaca attgaggatt tccacaacac gttcatggac ctgattgagc aggtggagaa480  
 gcagacctct gtgcgggacc tgctggcctc cttcaatgac cagagcacct ccgactacct540  
 tgtggtctac ctgcggctgc tcacctcggg ctacctgcag cgcgagagca agttcttcga600  
 50 gcacttcacg gagggtggac ggactgtcaa ggagtctgc cagcaggagg tggagcccat660  
 gtgcaaggag agcgaccaca tccacatcat tgcgctggcc caggccctca gcgtgtccat720  
 ccaggtggag tacatggacc gcggcgaggg cggcaccacc aatccgcaca tcttccctga780  
 gggcttccga gcccaaggct ttacctgtt ttaaccggct tggggcaatt taggtattgc840  
 tttttacaaa taggggtttg gtt 863

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1015 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

20

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

25 aattcgggaac gagggcgccct gcaagccatg atgacccacc tgcattgtgaa gtctacagaa 60  
 cccaaagctg cccctcagcc cctgaatctg gtatcaagtg tcacctctc caagtccgca 120  
 tcggaggctt ctccacagag cttacctcat actccaacga ccccaaccgc cccctgact 180  
 ccggtcacc caggccctc tgtcatcaca accaccagca tgcacacggt gggaccatc 240  
 cgaggcggt actcagacaa atacaacgtg cccatttcgt cagcagatat tgcgcagaac 300  
 caagaatttt ataagaacgc agaagttaga ccaccattta catatgcatc ttttaattagg 360  
 30 caggccattc tcgaatctcc agaaaagcag ctaacactaa atgagatcta taactgggtc 420  
 acacgaatgt ttgcttactt ccgacgcaac gcggccacgt ggaagaatgc agtgcgtcat 480  
 aatcttagtc ttcacaagt tttgtgcca gtagaaaacg ttaaaggggc agtatggaca 540  
 gtggatgaag tagaattcca aaaacgaagg ccacaaaaga tcagtggtaa cccttccctt 600  
 attaaaaaca tgcagagcag ccacgcctac tgcacacctc tcaatgcagc tttacaggct 660  
 35 tcaatggctg agaatagtat acctctatac actaccgctt ccatgggaaa tccactctg 720  
 ggcaacttag ccagcgcaat acgggaagag ctgaacgggg caatggagca taccaacagc 780  
 aacgagagt acagcagtc aggcagatct cctatgcaag ccgtgcatcc tgtacacgtc 840  
 aaagaagagc ccctcgatcc agaggaagct gaaggggccc tgccttagt gacaacagcc 900  
 aaccacagtc cagattttga ccatgacaga gattacgaag atgaaccagt aaacgaggac 960  
 40 atggagtgc tatcggggcg ggccaacccc gagaatgaag attggaaaaa aaaaa 1015

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 2532 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN



(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

```

gctcgatgtg caagtgaagg atgattccag ggccctgact ttaggagcac tgacgctgcc 60
tctggcccg cctgctgactg cccagaaact cactctggac cagtgggtcc agctcagcag 120
ctctgggtcca aactccagac tctatatgaa actagtcagt aggatcctgt acttggattc 180
15 atcagaaata tgcctcccca cgggtgcctgg ttgtcctggt gcttgggacg tggacagtga 240
gaatccccag agaggcagca gtgtggatgc cccacctga cctgtcaca cgactcctga 300
tagccagttt gggactgagc atgtgcttcg gatccatgta ttagaggccc aggacctgat 360
tgccaaagac cgtttcttgg ggggactggt gaagggcaag tcagaccct atgtcaaact 420
aaagttaggca ggacgaagct tccggagcca tgttgttcgg gaagatctca atccccctg 480
20 gaatgaggtt tttaggtga tgcgtcacat agttccaggc caagagctag aggttgaagt 540
ctttgacaag cacttggaagc aggatgattt tctgggcagg tgtaaaagtgc gtctcaccac 600
agtcttaaac agtggcttcc ttgatgagt gctgaccctg gaggatgtcc catctggccg 660
cctgcacttg cgcctggagc gtctcaccac cgcctccact gctgctgagt tagaggaggt 720
gctgcaggtg aatagtttga tccagactca gaagagtgcg gagctggctg cggccctgct 780
25 atccatctat atggagcggg cagaggacct cccgctgcga aaaggcacca agcaccctag 840
cccttatgct actctcactg tgggagatag ttctcataaa accaagacta tttcgcaaac 900
ttcagccctt gtctgggatg agagtgcctc ctttctcatc aggaaccac acactgagag 960
cctagagtgc cagggttcggg gtgaggcac tggcgtgctg ggctcattat ccctgcccct 1020
ctcagagctc ctgctggctg accagctctg cttggaccgc tggtttacac tcagcagtg 1080
30 tcaggggagc gtgctactga gagcacagct agggatcctg gtgtcccagc actcgggagt 1140
ggaagctcat agccacagct acagccacag ctccctcatg ctgagtgaag aaccagagct 1200
ctcgggggga cccctcaca tcacctctc agccccagag ctccggcagc gcctaacaca 1260
tggtgacagt ccccttgagg ctccagccgg gcctctgggc caggtgaaac tgactctgtg 1320
gtactacagt gaagaacgaa agctggtcag cattgttcac ggttgccggt cccttcgaca 1380
35 gaatggacgt gatcctctg atccctatgt gtcactgttg ctactgccag acaagaaccg 1440
aggcaccag agaggacct cacagaagaa gaggacctg agtctgaat ttaatgaacg 1500
gtttgagtgg gaactcccc tggatgaggc ccagagacga aagctggatg tctctgtcaa 1560
gtctaattcc tccttcattg caagagagcg tgactgctgg ggaagggtga gctggacct 1620
gctgagacag acctttccca ggggtgtagc cgggtggtatg acctgatgga caacaaggac 1680
40 aaggcagct cctaggagct ggcaggtccc agcctgactg ctctgtcttc ctgccttctg 1740
ctcgtcccat caccgcctca atgtgatgag cctaaagcta gggccaagg gcagagcctg 1800
tgcccttcag cctttcacc taacaggccc atattcgggc ctttgcctga ccaaagagaa 1860
gaaccgtatg ttccctttac tgcacggcct ttatccttct gggccctggt ggccggggacc 1920
tgagctggtt gtttctctg ttgcctgcac attgttctcc ctctctccca actcctcagg 1980
45 gccttctgta tctgtgctg gccagtggca gcactagcag tgggtattagc ttatgcaaaa 2040
tacagctttg gaaggatctt tttttcttta actagatggt caccttcttc cctaccacac 2100
atgggtggga aggtggacag gctaacctct ccagctgtga gcctcttaga ctactgcatg 2160
tagcaaatgt tcagcagctc agggcccccgt gtcagttct gtccccactg tctcaaccc 2220
tgtcctgaaa attctactgc tttgatggct ggggccagtc tcttgtcact ttggaaactg 2280
50 aggacgcgtg gattctactc aagcctccaa gtagtggcat atcagctctg gagctcctag 2340
ctggtgatac ggagagggct ttggaggact tgggacagca gggccaattt ttttgcccaa 2400
gtgcctaggc tgctaactca ctgactagaa cttaatctgg tactttacag ttttgacca 2460
actctgcaa gccactggat cttacattaa acatcatact caaaaaaaaaa aaaaaataaa 2520
ataaaaaaaaa aa 2532

```

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 776 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

20 tttttttttt tttttttttt tttttttttt ttttgagaca aagtctcact gtgtcaccca 60  
 gactggaatg cagtgcacaca atctcggtc actgaaacct ctgccttcca gggtcaagct120  
 attctcatgc ctcagcctct caagtagctg ggactacaga tgtgggccac catgtctggc180  
 25 taattttttt ttttttttgt agagacaggg tttcgccatg ttgacgagac tgggtctcgaa240  
 ctcttgccct caagtgatct gccgcctcag cttctcaaag tactgggatt atataggcat300  
 gagccactga gcctggccct gaagcgtttt tctcaaaggc cctcagttag ataaattaga360  
 tttggcatct cctgtcctgg gccaggatc tctctacaag agccctgcc cctctgttg420  
 aggcacagtt ttagaataag gaggaggagg gagaagagaa aatgtaaagg agggagatct480  
 ttcccaggcc gcaccatttc tgtcactcac atggacccaa gataaaagaa tggccaaacc540  
 30 ctcacaaccc ctgatgttg aagagttcca agttgaagg aaacaaagaa gtgtttgatg600  
 gtgccagaga ggggctgctc tccagaaagc taaaatttaa tttcttttt cctctgagtt660  
 ctgtacttca accagcctac aagctggcac ttgctaacaa atcagaaata tgacaattaa720  
 tgattaaaga ctgtgattgc caccaaaaaa aaaaaaaca gccaggaaaa aaaggg 776

- 35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 629 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 40 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

- 45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 50 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

```

5  cggctcgact tccgttactt gctgcgagg accgtgggca gccagggtcg gtgaaggatc 60
   ccaaaatggc tgggcgaaaaa cttgctctaa aaaccattga ctgggtagct tttgcagaga120
   tcatacccca gaaccaaag gccattgcta gtccctgaa atcctggaat gagaccctca180
   cctccagggt ggctgcttta cctgagaatc caccagctat cgactgggct tactacaagg240
   ccaatgtggc caaggctggc ttggtggatg actttgagaa gaagtttaat gcgctgaagg300
10  ttccctgtgc agaggataaa tatactgccc aggtggatgc cgaagaaaaa gaagatgtga360
   aatcttgtgc tgagtgggtg tctctctcaa aggcaggat tgtagaatat gagaaagaga420
   tggagaagat gaagaactta attccatttg atcagatgac cattgaggac ttgaatgaag480
   ctttcccgaga aaccaaatta gacaagaaaa agtatcccta ttggcctcac caaccaattg540
   agaatttata aaattgagtc caggaggaag ctctggccct tgtattacac attctggaca600
15  ttaaaaataa taattataca aaaaaaaaaa
                                     629

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 757 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

```

40  ggcggggagc agggggacac cagggtgaat caggaagacc cgaggggtgg cccccaccct 60
   ttctccaccc acgcggcagg ttccagggtc cctggctgga gtcagtcctc atcgtagtca120
   gcaacaacat tgacgaggag gcgctggccc gactggccca ggagggcagt gaggtgaatg180
   tcattggcat tggcaccagt gtggtcacct gcccccaaca gccttccttg ggtggcgtct240
45  ataagctggg ggccgtgggg ggccagccac gaatgaagct gaccgaggac cccgagaagc300
   agacgttgcc tgggagcaag gctgctttcc ggctcctggg ctctgacggg tctccactca360
   tggacatgct gcagtttagc gaagagccag tgccacaggc tgggcaggag ctgaggggtg420
   ggccctccagg ggcccaggag ccctgcaccg tgaggccagc ccagggtggag ccactactgc480
   ggctctgcct ccagcaggga cagctgtgtg agccgctccc atccctggca gagtctagag540
50  ccttgggcca gctgtccctg agccgactca gccctgagca caggcggctg cggagccctg600
   cacagtacca ggtggtgctg tccgagaggc tgcaggccct ggtgaacagt ctgtgtgcgg660
   ggcagtcccc ctgagactcg gagcggggct gactggaaac aacacgaatc actcactttt720
   cccacagga agaggaggtg agggaagagg gggggcg
                                     757

```

- 55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1262 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

```
aatttgttga agagtgatcc tccctcatcc tctgcaaaca ttccataggc gataggaaga 60
actatgcctc tgccaagctt tctgagttgc tgccagaaga agttgaagca gaagtgaag 120
cagctgcaga gatatcaatg ggaacagagg ttccagaaga agatatttgc aatattctgc 180
atctttgcac ccaggtgatt gaaatctctg aatatcgaac ccagctctat gaatatctac 240
aaaatcgaat gatggccatt gcacccaatg ttacagtcac ggttggggaa ttagttggag 300
cacggcttat tgctcatgca gggtctcttt taaatttggc caagcatgca gcttctaccg 360
ttcagattct tggagctgaa aaggcacttt tcagagccct caaatctaga cgggataccc 420
ctaagtatgg tctcatttat catgcttcac tcgtgggcca gacaagtccc aaacacaaag 480
gaaagatttc tcgaatgctg gcagccaaaa ccgttttggc tatccgttat gatgcttttg 540
gtgaggattc aagttctgca atgggagttg agaacagagc caaattagag gccaggttga 600
gaacttttga agacagaggg ataagaaaaa taagtggaac aggaaaaagca ttagcaaaaa 660
cagaaaaata tgaacacaaa agtgaagtga agacttacga tccttctggt gactccacac 720
ttccaacctg ttctaaaaaa cgcaaaatag aacaggtaga taaagaggat gaaattactg 780
aaaagaaagc caaaaaagcc aagattaaag ttaaagtga agaagaggaa gaagaaaaag 840
tggcagaaga agaagaaca tctgtgaaga agaagaaga aaggggtaaa aagaaacaca 900
ttaaggaaga accactttct gaggaagaac catgtaccag cacagcaatt gctagtccag 960
agaaaaagaa gaaaaagaaa aaaaagagag agaacgagga ttaacagaaa ggaattacga1020
ttatatcacc cggacacaca tcatgcttaa gattcaactg ggagcatacc agggatgctc1080
tctaacgtaa tcaagggaag gttcagtaag acaaagtgat ttatcatcta taacttcaa1140
cctatttgtc ttgacatcaa ctctgttaac cttatgtcat catttcttag agtctttgat1200
atacaataaa aattttcttt gtattttaaa acaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1260
aa
```

1262

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1281 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

```

15  ggcggaagta gccgcaggca tggcggcggc tatgccgctg ttgctctgct cgtcctgttg 60
    ctcttggggc cggcgggctg gtgccttgca gaacccccac gcgacagcct gcgggaggaa 120
    cttgtcatca cccgcgtgcc ttccggggac gtagccgcca cattccagtt ccgcacgcgc 180
    tgggattcgg agcttcagcg ggaaggagtg tcccattaca ggctctttcc caaagccctg 240
    gggcagctga tctccaagta ttctctacgg gagctgcacc tgtcattcac acaaggcttt 300
20  tggaggaccc gatactgggg gccacccttc ctgcaggccc catcagggtgc agagctgtgg 360
    gtctggttcc aagacactgt cactgatgtg gataaatctt ggaaggagct cagtaatgtc 420
    ctctcaggga tcttctgcgc ctctctcaac ttcatcgact ccaccaacac agtcactccc 480
    actgcctcct tcaaaccctt gggctctggc aatgacactg accactactt tctgcgctat 540
    gctgtgctgc cgcgggaggt ggtctgcacc gaaaacctca cccctggaa gaagctcttg 600
25  cctgtagtt ccaaggcagg cctctctgtg ctgctgaagg cagatcgctt gttccacacc 660
    agctaccact cccaggcagt gcatatccgc cctgtttgca gaaatgcacg ctgtactagc 720
    atctcctggg agctgaggca gaccctgtca gttgtatttg atgccttcat cacggggcag 780
    ggaaagaaag actggtccct cttccggatg ttctccgaa cctcaccgga gccctgcccc 840
    ctggcttcag agagccgagt ctatgtggac atcaccacct acaaccagga caacgagaca 900
30  ttagagggtgc accaccccc gaccactaca tatcaggacg tcatcctagg cactcggaag 960
    acctatgcca tctatgactt gcttgacacc gccatgatca acaactctcg aaacctcaac1020
    atccagctca agtgaagag acccccagag aatgaggccc cccagtgcc ctctctgcat1080
    gccagcggt acgtgagtg ctatgggctg cagaaggggg agctgagcac actgctgtac1140
    aacccccacc cataccgggc cttcccggtg ctgctgctgg acaccgtacc ctggtatctg1200
35  cggtgttac atccactacc agcctgcccc ggaccggctg caaccaccac tcctggagat1260
    gctgattcag ctgccggcca a
                                     1281

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 716 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

gggccccaga aagagaccaa tgtgtgtgtgc gacgggtggg tggcagtggc agtggcagat 60  
 ggtaccaggc gccccagaac tctaaggggc ctcaagtagt ttaaaacctc ggaggctgcc120  
 tgacttgagg ccaagggttt ctatgctcag gcctgacccc tcatggatta gtttctgtg180  
 10 gaaaaacttt ttctgccttc ggccagggtct ctatctcctt ctgccttaac atattttgga240  
 aggttggttc ccagcagaga cggggccatg ggctcacact ctgacctctc ccacggcatt300  
 agcctgtct cagcctcttg gctgttacgc aagttaattc ctgcacaaga ctcaaacag360  
 ggctgtggag gaagcaaagg agcccttttt atgcctctgt agtaggactg agagaggccc420  
 tctggccagc gtgagcctgc tggttcttcc cggactgtac caggccttga ggccggggtat480  
 15 gaaaacgccc cactctgggg cctggcttgg ggaaggggag gcggcagggg ttctttgggc540  
 ttctcgaggg tataatctga gctctctggg gaacgtgtgt ccatttgtag gcagtagtcc600  
 gacacgtcgg gggactcaac tttaacttgg gacaatctgt gtgtggtctg tttttagtaa660  
 attcatccac acaagagagt ggaggcatga acagggtgg ccttctctcg atctca 716

## 20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1160 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## 35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

tttgttggtg gagaaaggag agaaaggaaa gcgcgagggg ccgcccacc caccagcgca 60  
 45 gagtcttgga gctgtgagga gattcggggc gtcacctgc ctccctgcg tcccgccacc 120  
 ggccgcttct gtcctcgagc ccattccaac aatctcgtaa aacatggtgg attactatga 180  
 agttctaggc gtgcagagac atgcctcacc cgaggatatt aaaaaggcat atcggaact 240  
 ggcaactgaag tggcatccag ataaaaatcc tgagaataaa gaagaagcag agagaaaatt 300  
 caagcaagta gcggaggcat atgaagtgt gtcggatgct aagaaacggg acatctatga 360  
 50 caaatatggc aaagaaggat taaatggtgg aggaggagg ggaagtcatt ttgacagtcc 420  
 atttgaattt ggcttcacat tccgtaacct agatgatgtc ttcagggaat tttttggtgg 480  
 aagggaacca ttttcatttg acttctttga agaccctttt gaggacttct ttgggaatcg 540  
 aagggtccc cgaggaagca gaagccgagg gacggggtcg tttttctctg cggtcagtgg 600  
 atttccgtct tttggaagt gattttcttc ttttgataga ggatttactt catttgggtc 660  
 55 actaggtcac gggggcctca cttcattctc ttccacgtca tttggtggtg gtggcatggg 720  
 caacttcaaa tcgatatcaa cttcaactaa aatggttaat ggcagaaaaa tcaactacaa 780

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

```
20  cgagggacag aacctggtgc aggaggagtt ggcggcccgcc gggacccagc ccccgctccat 60
    ccgcaacggc ctggacaaaag ccgcgaggtc cgcttcgagc gagctgagca ggccctgcgc 120
    cggttcagcc agggcccccac acccgctgcc gctgtccccc agggcacggc agccgagggc 180
    gctcccaggc aggaaaaactg tgggtcccag caggtccccc caggccgggc actagcacc 240
    ctcccagcag ccccggtgcgg acctgcgggc ccctgacgga tgaggacgtg gtcaggctgc 300
25  ggccctgtga gaagaagcgg ctggacatcc gtggcaaaact ttacctggcc cccctcacca 360
    cgtgtgggaa cctgcccttc cgacggatct gcaagcgctt cggggcggat gtgacatgtg 420
    gagagatggc cgtctgcacc aacctgctgc agggccagat gtccgagtg gcccactca 480
    aacgccacca gtgtgaggac atctttggcg tccagctgga gggcgccctc cccgacacca 540
    tgaccaagtg tgccgagctg ctgagccgca ccgtggaggt ggactttgtg gacatcaacg 600
30  tcggctgccc catcgacctc gtgtacaaga aggtggggg ctgtgccctc atgaatcgct 660
    ccaccaagtt ccagcagatc gtccgtggca tgaaccaggt gctggatgtg ccgctgactg 720
    tgaagatccg cacaggcgtc caggagcgtg tgaacctggc gcaccgcctg ctgcccagc 780
    tgccgggactg gggcgtggca ctcgtcacgg aatggggac atcttgatc ttgaggatgc 840
    caaccgcgcc atgcagactg gtgtcaccgg gatcatgatt gcccggtggc cctgctcaa 900
35  gccgtggctc ttcacggaga tcaaggagca gcggcactgg gacatctcgt cgtccgagcg 960
    cctggacatc ctgcgggact tcaccaacta cggcctggag cactggggct cggacacgca1020
    gggcgtggag aagacccggc gctttctgct cgagtggctg tccttcctgt gccggtacga1080
    tcccgtgggg ctgctggagc ggctcccaca gaggatcaac gagcgccgc cctactacct1140
    gggccgcgac tacctggaga cgctgatggc cagccagaag gcagccgact ggatccgcat1200
40  cagcgagatg ctccctgggc cagtgcctcc cactcgcct tcttgccgaa gcacaaggcc1260
    aacgcgtaca agtagcctca ggctttccca ggggcaccct ggggcgagga gagtacaata1320
    aattttattc ttttaa                                     1336
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 812 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN



(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

ggcagcccaa tgtctcctgc acgtgcaatg caaacgctct ttgttccaga gcatggagat 60  
cacggagctg gagtttgttc agatcatcat catcgtggtg gtcacgtgcc tgctgagcca120  
ctacaagctg tctgcacggg ccttcacag cggcacagc cagggcgga ggagagaaga180  
15 tgccctgtcc tcagaaggat gctgtggcc tcggagacac agtgtcaggc aacggaatcc240  
cagagccgca gtcttacgcc ccgcctcgcc ccaccgaccg cctggccgtg cgcccttcgc300  
ccagcggagc gttttccacc gttgccagcc caatgtctcc tgcacgtgca actgcaaacg360  
ctctttgttc cagagcatgg agatcacgga gctggagttt gttcagatca tcatcatcgt420  
ggtggtcacg tgctgtctga gccactacaa gctgtctgca cggtccttca tcagccggca480  
20 cagccagggg cggaggagag aagatgccct gtctcagaa ggatgcctgt ggccctcgga540  
gagcacagtg tcaggcaacg gaatcccaga gccgcaggtc tacgcccgc ctcgccccac600  
cgaccgcctg gccgtgccgc cttcgccca gccggagcgc ttccaccgt tccagcccac660  
ctatccgtac ctgcagcacg agatcgacct gccgcccacc atctcgtgt cagacgggga720  
ggagcccca ccctaccagg gccctggac cttcaagggt cgggacccg aggaggagtt780  
25 ggaaattgaa cggggattgg gtgcggagac cc 812

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30 (A) LÄNGE: 2681 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

50 gatgcttggt atcatcatca tgatgacgct gtgtgaccag gtggatattt atgagtgcct 60  
cccatccaag cgcaagactg acgtgtgcta ctactaccag aagttcttcg atagtgcctg 120  
cacgatgggt gcctaccacc cgctgctcta tgagaagaat ttggtgaagc atctcaacca 180  
gggcacagat gaggacatct acctgcttg aaaagccaca ctgcctggct tccggaccat 240  
55 tcaactgctaa gcacaggctc ctcaactctt tccatcaggc attaaatgaa tggctctctg 300

```

gccaccccag cctgggaaga acattttcct gaacaattcc agcctgctcc ttttactcta 360
ggggcctctg tcagcaagac catggggact tcaagagcct gtggtcagga aatcagggtcc 420
agccttccct gtagccagac agtttatgag cccagagcct cctgccacac acatgcacac 480
atatctagca ttctttccag acagcaccct ccccgcttc caccttggtg gatgcaagg 540
5 ctatctctcc catcagggct gccaaagctg ggctttgttt ttcccagcag aatgatgcc 600
ttctcacaaa ccaatgctct atattgcttg aagtctgcat ctaaaattg atttcacgtt 660
ttaaagaaat tctcttaa atacaattgtg cccaatgcag ggtggctctg gggggcaagt 720
aggtgggtaca ggggattgga aacatgctcc gcgcctccag agaaaagttg ctcccagagt 780
ccatgcccct ggaacgtgtt cctatcactc tggctgggtg ggctggctct tagactgggt 840
10 gcttatgatt aaagggtctt ggtagccca ctttccctct ccatgtggag atggaaggt 900
gagaaggata cagtgtctat cctcaagttg ctacggttca gtgagagag cagacatctg 960
aacaggcagg taggattcag tgtgctcagt gcactgggga tttggagaga gatgggctt 1020
ctctctctgt gaccccagga gggccacgca cttaaaactg tgtttgtgga tcagagaagg 1080
ctttatagca cagggggcat tcagatgagt cttagaggaa gagaagaaac atggcaagc 1140
15 gattacatct gagcgtttt aattgtgttt ttctttcttc ccatgtttat tttctaagat 1200
ctacctgaac ttagagactc tttaggaaac ctctaccga tgtctgaggt 1260
agcaagtga gcctcacgac agataccagg caatccagag ccacaaaacg tgattcctc 1320
aggctctgcc tggcctgacc ctgtcctgtc agctgggttt acataccagt cccattcttc 1380
cttttcaata aataccccca aatcttctcc taaccacat taaagcattt tttgcttta 1440
20 aagcaccctg accccaattt ctttgagctc acgggccttt tgctgaagg ctctcagggt 1500
gtagtggtgt ggctctctgg acttaacgtc actctcagag gtcagaacct tggagatcag 1560
aactgattct caccaggtgt gagagggtg gtagcagatt gcaatgctct gcacctcttc 1620
cttgcaagtg agcaacttca ggctctctgg gcagaggctg gccactgta gtttgagac 1680
atgctctcca gatggtttta ctaagtcccc tctccctgat agggaaatct gctggaccag 1740
25 cgcagcctgg gtgtggagag gttaaaagac ttgcacagga tcaccaagtc atgctgtaga 1800
gccaggattc ctagaccag ggctctgcac tctcaaggct ggccccatgt gctcaaggg 1860
atctaagtgt tgggctccaa actaaccatc tcggagctgg gctcctcatt tactgccaa 1920
cctcagctt atgtagctag aaaggccct ggagtgaaga agcctggatt ttcaaattga 1980
tgetccccca ctgactagct gtgccactct gggcaaatgc tcttccttga gcctgtttcc 2040
30 acacctgtaa agtggggatg atgacctat ctactgctt ttgtgaggat tacaggaaa 2100
cacctgtcct ggctctgtac ctggcacgta gtaggtgctc agttcatgct ggtttccttc 2160
ctgcctttag tagggacctg ctctgtgctc acacctcggc tgcatgcacc ctgctgtgac 2220
ggaggctagt gtggaagagg tcctgtcctc agggaattaa ctgtcttatt gggagacaac 2280
aactgtcctc cttggaacac ccaagaaacc atgcaaaagca gtggacaaca cagaacacgc 2340
35 cctcctcctc gctgcctgca gctccaatct gattctgctt gggaaatgggc ggagcacgtg 2400
ggctgcttaa ctgctgtata ggacaagccc cttaccctc tctgggccc tgaattcctg 2460
gcttggttta tgttctgatt tgacacactg attttaatct tcgaatcatg acactgagt 2520
cagaggaggt ggcattccga cagcaggaca tacatgttgg tgtgaagact gggacgacac 2580
tgggtagaat ctagttttta attattatta atataaagga tcaaattaat ttaaatatga 2640
40 atccgaagtc cacagaactt taagtgtgt gccggccatg t
2681

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 1407 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

cttgggacgg aagcctagct ggggtggggg cgccgggctg gagccttcgc aggggagcgg 60  
 gctcagtcac caccctgccc cccagagtga ctcagccccc acgtcccccac ccacccccgg 120  
 10 ggagccaggg ccgcagaggg aggtagataa gtgggggtggc agcctgggtc ggccagagag 180  
 ttcaggccac cccggccgga cgctgccac ttgctgtcac tgtgccgctg tcatggcacg 240  
 ctccgggagt gccacgccac ctgcccgggc tccgggagcc cctccacgga gcccaccca 300  
 gaggctggta caggatgtca gtgggcccct gagggagctg cgccctcggc tctgccacct 360  
 gcgaaaggga cctcagggtt atgggttcaa cctgcatagt gacaagtccc ggcccggcca 420  
 15 gtacatccgc tctgtggacc cgggtcacc tgccgccgc tctggcctcc gcgccaggga 480  
 ccggctcatt gaggtgaacg ggcagaatgt ggagggactg cgccatgctg aggtggtggc 540  
 cagcatcaag gcacgggagg acgaggcccg gctgctggc gtggacccc agacagatga 600  
 acacttcaag cggcttcggg tcacacccac cgaggagcac gtggaaggct cctgcccgtc 660  
 acccgtcacc aatggaacca gccctgccca gctcaatgtt ggctctgctg gctcgtcccg 720  
 20 aagtgcacct cctgggttcg acaaggacac tgaggatggc agtgcctgga agcaagatcc 780  
 cttccaggag agcggcctcc acctgagccc cacggcggcc gagggccaagg agaaggctcg 840  
 agccatgcga gtcaacaagc gcgcgccaca gatggactgg aacaggaaagc gtgaaatctt 900  
 cagcaacttc tgagcccctt cctgcctgtc tggggaccct gggacccctc ccgcacggac 960  
 cttgggcctc agcctgcccc gagctcccc agcctcagt gactggaggg tggctcctgcc1020  
 25 attgcccaga aatcagcccc agcccgggtg agcccccac ctgcccctgc ccaccaggta1080  
 ctgggggcct gtggcagcaa gataggggga gagagacca gagatgtgag agagagtcag1140  
 agacagagac agagagagag agagagagac acagagagag acagagagag agcgagcgag1200  
 cgcgcggcag ccgcggggcg agggcctttg ctgctctgcc ggggcctgct gactgaaagg1260  
 aatttggttt tttgcttttt ttccaaaaag atctccagct ccacacatgt ttccacttaa1320  
 30 taccagagac ccccccgctc aaagccccc tccccggccc cttgggacgc gctctaaata1380  
 attgcaataa aacaaacctt tctctgc 1407

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

## 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1376 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

```

cgaagaagcc ccgccccgc cgccttagac aatgccccgg agccgccaga ccgtcgcgcc 60
cctgccccat cgtagtatat gagctcgcc acacaaggac ccccgctaaa agccagagct 120
cccagtgccc gaggttgaa gacggggact cccttctcca ccaactctgt cctcggggg 180
tggggcccc cccgagatca cagcgcgaca ggagtggggg tggccgctgg agacaggtga 240
5 aaaaacaaga aaactaagaa atccgagcgg ttggaggggg agtctgtgtg gatgggatgg 300
ggacgcccgg ggaggggctg ggccgctgct cccatgccct gatccgggga gtcccagaga 360
gcctggcgct gggggaaggt gcgggggctg gccttcccgc tctggatctg gccaaagctc 420
aaagggagca cggggtgctg ggaggtaaac tgaggcaacg actggggcta cagctgctag 480
aactgccacc tgaggagtca ttgccgctgg gaccgctgct tggcgacacg gccgtgatcc 540
10 aaggggacac ggccctaate acgcggccct ggagccccgc tcgtaggcca gaggtcgatg 600
gagtccgcaa agccctgcaa gacctggggc tccgaattgt ggaaatagga gacgagaacg 660
cgacgctgga tggcactgac gttctcttca ccggccggga gttttctgta ggctctcca 720
aatggacca taccgagga gctgagatcg tggcggacac gttccgggac ttccgctct 780
ccactgtgcc agtctcggt ccctcccacc tgcgcggtct ctgcggcatg gggggacctc 840
15 ccactgttgt ggcaggcagc agcgacgctg cccaaaaggc tgtccgggca atggcagtgc 900
tgacagatca cccatagtc tccctgaccc tcccagatga cgcagctgct gactgtctct 960
ttcttcgtcc tgggttgcc ggtgtgcccc ctttctctct gcaccgtgga ggtggggatc 1020
tgcccaacag ccaggaggca ctgcagaagc tctctgatgt caccctggta cctgtgtcct 1080
gctcagaact ggagaaggct ggccgcccggc tcagctccct ctgcttggtg ctcagcacac 1140
20 gccccacag ctgagggcct ggccctgggg tactgctggc caggggtagg atagtatagg 1200
aagtagaagg ggaaggaggg ttagatagag aatgctgaat aggcagtagt tgggagagag 1260
cctcaatatt gggggaaggg agagtgtagg gaaaaggatc cactgggtga atcctccctc 1320
tcagaaccaa taaaatagaa ttgacctttt aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa agttct 1376

```

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 854 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 40 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

```

acgtatagtc gggctcgctg gtggagtagc tcagagtagg gggagcgccg taattgacac 60
atctcttatt tgagaagtgt ctggtgccct cattaggttt aattacaaaa ttgatcacg 120
atcatattgt agtctctcaa agtgctctag aaattgtcag tggtttacat gaagtggcca 180
tggtgtctg gagcaccctg aaactgtatc aaagtgtgac atatttccaa acatttttaa 240
aatgaaaagg cactctcgctg ttctctctac tctgtgact ttgctgttg tgtgacaagg 300
catttaaaaga tgtttctggc attttctttt tatttgaag gtggtggtaa ctatggttat 360
55 tggctagaaa tcctgagttt tcaactgtat atatctatag ttgtgaaaaa gaacaaaaca 420
accgagacaa acccttgatg ctccttgctc ggcgttgagg ctgtggggaa gatgcctttt 480
gggagaggct gtagctcagg gcgtgcactg tgaggctgga cctgttgact ctgcaggggg 540

```

catccattta gcttcaggtt gtcttgtttc tgtatatagt gacatagcat tctgctgccca600  
 tcttagctgt ggacaaaggg gggtcagctg gcatgagaat attttttttt ttaagtgcgg660  
 tagtttttaa actgtttgtt tttaaacaaa ctatagaact cttcattgtc agcaaagcaa720  
 agagtcactg catcaatgaa agttcaagaa cctcctgtac ttaaacacga ttcgcaacgt780  
 5 tctgttatatt tttttgtatg tttagaatgc tgaaatgttt ttgaagttaa ataaacagta840  
 ttacattttt aaaa 854

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

## 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1681 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

ttcagctttt gccgaaatgg gtagtgatca cacacagtca tctgcaagca aaatctcaca 60  
 agatgtggac aaagaggatg agtttggtta cagctggaaa aatatcagag agcgttatgg 120  
 aaccctaaca ggcgagctgc atatgattga actggagaaa ggcatagtg gtttgggcct 180  
 35 aagtcttgct gggaacaaaag accgatccag gatgagtgct ttcatagtgg ggattgatcc 240  
 aaatggagct gcaggaaaag atgggtcgatt gcaaattgca gatgagcttc tagagatcaa 300  
 ttggtcagatt ttatatggaa gaagtcacat caatgcctca tcaatcatta aatgtgcccc 360  
 ttctaaagtg aaaataattt ttatcagaaa taaagatgca gtgaatcaga tggccgtatg 420  
 tcctggaaat gcagtagaac ctttgccctc taactcagaa aatcttcaaa ataaggagac 480  
 40 agagccaact gttactactt ctgatgcagc tgtggacctc agttcattta aaaatgtgca 540  
 acattctgga gcttcccaag gaggcagggg ggtttgggta ttgctatcag cgaagaagat 600  
 acactcagtg gagtcatcat aaagagctta acagagcatg gggtagcagc cacggatgga 660  
 cgactcaaag tcggagatca gatactggct gtagatgatg aaattgttgt tggttaccct 720  
 attgaaaagt ttattagcct tctgaagaca gcaaagatga cagtaaaact taccatccat 780  
 45 gctgagaatc cagattccca ggctgttcct tcagcagctg gtgcagccag tggagaaaaa 840  
 aagaacagct cccagtctct gatgggtccca cagtctggct cccagaacc ggagtccatc 900  
 cgaaatacaa gcagatcatc aacaccagca atttttgctt ctgactctgc aacctgcccc 960  
 attatccctg gctgcgaaac aaccatcgag atttccaaaag ggcgaacagg gctgggcctg1020  
 agcatcggtt ggggttcaga cacgctgctg ggtgccatta ttatccatga agtttatgaa1080  
 50 gaaggagcag catgtaaaga tggaagactc tgggctggag atcagatctt agagggtgaat1140  
 ggaattgact tgagaaaggc cacacatgat gaagcaatca atgtcctgag acagacgcca1200  
 cagagagtgct gcctgacact ctacagagat gagggcccat acaaagagga ggaagtgtgt1260  
 gacaccctca ctattgagct gcagaagaag ccgggaaaag gcctaggatt aagtattgtt1320  
 ggtaaaagaa acgatactgg agtattttgt tcagacattg tcaaaggagg aattgcagat1380  
 55 gccgatggaa gactgatgca gggagaccag atattaatgg tgaatgggga agacgttcgt1440  
 aatgccaccc aagaagcggg tgccgttttg ataaaagtgt ttccctaggg cacagttaac1500  
 cttgggaagt tgggaaggat tcaaagctgg gtcccgttcc gtttcaggag gagggagggc1560

cgtttttcaa aggcagccca ggggtgagtt tgaaggggca gcctctttcg tcttttttca1620  
 cgtttttccc acttttttgg ggaatcccggt ttacattttg agttccactt ggggaagtta1680  
 g 1681

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 852 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

30 ggcaatttcc gttaggtgct gaaggctgtg ggcgcgggct gtccccattc ccacgtgaag 60  
 cgctacgcta gcacgctcgc gctggcggct cccagctcgc cgcgagcag tcccggcagc120  
 agcgggggac cggaagtggc tcgcggaggc tcagaagcta gtcccggagc ccggcgtgtg180  
 gcgcctcgga gcacgggtgac ggcgccatgt ccctaactctg ctccatctct aacgaagtgc240  
 cggagcacc atgtgtatcc cctgtctcta atcatgttta tgagcggcgg ctcacgaga300  
 agtacattgc ggagaatggt accgaccca tcaacaacca gcctctctcc gaggagcagc360  
 35 tcatcgacat caaagttgct cacccaatcc ggcccaagcc tccctcagcc accagcatcc420  
 cggccattct gaaagcttg caggatgagt gggatgcagt catgctgcac agcttcactc480  
 tgcgccagag ctgcagacaa cccgccaa gctgtcacac gctctgtacc agcacgatgc540  
 cgccctgccgt gtcattgcc gtctcacaa ggaaactgtg aaggggatgg gcaggagggc600  
 ttgtgcaggg ttttgaagc agtgatctag ttccattaaa aaaagaaaac aataaaaaag660  
 40 ccctgcacaa ggctacagc cctctccct tctgtcgtt caatggacgt ggtggtggct720  
 gttccacacc cttttgttg cagttcctgt gagacaggag aggctgagcc aagggaactg780  
 tgaaggggat gggcaggagg gcttgtgcag ggttttgtaa gcagtgatct agtttcatta840  
 aaaaaagaga ac 852

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1739 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

```
15 gaagcccgagg ggcctggcgac gcgcacgcgg agcggagcgg cagcgcacgc gggcgatcgc 60
   ttcacggatg cggacgacgt agccatcctt acctacgtga aggaaaatgc ccgctcgccc 120
   agctccgtca ccggtaacgc cttgtggaag gcgatggaga agagctcgct cacgcagcac 180
   tcgtggcagt ccttgaagga ccgctacctc aagcaacctg ggggccagga gcataagtac 240
   ctgctggggg acgcgccggg gagccccctc tcccagaagc tcaagcggaa ggcggaggag 300
   gaccocggagg ccgcggatag cggggaacca cagaataaga gaactccaga tttgcctgaa 360
20 gaagagtatg tgaaggaaga aatccaggag aatgaagaag cagtcaaaaa gatgcttgtg 420
   gaagccaccc gggagtttga ggaggttgtg gtggatgaga gccctcctga ttttgaaata 480
   catataacta tgttgtatga tgatccaccc acacctgagg aagactcaga aacacagcct 540
   gatgaggagg aagaagaaga agaagaaaaa gtttctcaac cagaggtggg agctgccatt 600
   aagatcattc ggcagttaat ggagaagttt aacttggatc tatcaacagt tacacaggcc 660
25 ttcctaaaaa atagtgggtga gctggaggct acttcgcctc tcttagcgctc tggtcagaga 720
   gctgatggat atcccatatt gtcccgacaa gatgacatag atttgcaaaa agatgatgag 780
   gataccagag aggcatttgt caaaaaatth ggtgctcaga atgtagctcg gaggattgaa 840
   tttcgaaaga aataattggc aagataatga gaaaagaaaa aagtcattgt aggtgaggtg 900
   gttaaaaaaa attgtgacca atgaacttta gagagttctt gcattggaac tggcacttat 960
30 tttctgacca tcgctgctgt tgcctctgtg gtcctagatt tttgtagcca agcagagttg 1020
   tagaggggga taaaaagaaa agaaattgga tgtatttaca gctgtccttg aacaagtatc 1080
   aatgtgttta tgaaaggaag atctaaatca gacaggagtt ggtctacata gtagtaatcc 1140
   attgttgga tggaaaccct gctatagtag tgacaaagt aaaggaaatt taggaggcat 1200
   aggccatttc aggcagcata agtaatctcc tgccttttgg cagaagctcc tttagattgg 1260
35 gatagatttc aaataaagaa tctagaaata ggagaagatt taattatgag gccttgaaca 1320
   cggattatcc caaaaccctt gtcatttccc ccagttagct ctgatttcta gactgctttg 1380
   aaaatgctgt attcattttg ctaacttagt atttgggtac cctgctcttt ggctgttctt 1440
   tttttggagc ccttctcagt caagtctgcc ggatgtcttt ctttacctac ccctcagttt 1500
   tccttaaaac gcgcacacaa ctctagagag tgtaagaat aatgttactt ggttaatgtg 1560
40 ttattttatt agtattgttt gtgctaagca ttgtgttaga tttaaaaaat tagtgatttg 1620
   actccacttt gttgtgttgt tttcatttgt gaaaataaat ataactttgt attcgaaaaa 1680
   aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa gaggagaaaa agaggggaaa gggggaagag gagcaaaa 1739
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 805 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

ataggcgcac cccaaggtca gggtcacctc gagcctccag acaactgcgt caccttgacg 60  
 accaactgaa aaaaccggaa gggatggaag cagcggatca tctcgcgata tctggagcgt 120  
 ctgcgcctgc ctctctgacc tgggacttgt ttccagctct cgcgagactt tcaggggtcg 180  
 gagcgcgagg gccggccgag aggaaagctg gaggcgcggg tggggaacat gtctgagtcg 240  
 gagctcggca ggaagtggga ccggtgtctg gcggatgcgg tcgtgaagat agaatcctgg 300  
 taattgatgt ccacccgaga aatccctgca gatgttccag cctctgtcta gtccagatag 360  
 ccacaggaag ggtactggtt ttggattagg aattgttttc tcaactacct tctttaaaag 420  
 aagaatgtgg ccattagcct tcggttcttg catgggatta ggaatggcct attccaactg 480  
 tcagcatgat ttccaggctc catatcttct acatggaaaa tatgtcaaag agcaggagca 540  
 gtgacttcac ctgagaacat ccacgcggga ggacaagaga aatcatgttt attcctcagg 600  
 aatactgaag tgccctggag taagctgcca ttcttctgta acaatgttat cagtaatgct 660  
 ttaactcca gcacctggtt atgcatttga aaccaagtct gtttcttgtt ttgtattttc 720  
 tctctggaag ttgtaaggag gtggtcttaa ataaattaaa caaaaatagg aagtccaaa 780  
 aaaaaaaaa aaaaaaaaa aaaaa 805

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1483 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

tgaaaaagac ccaacgcaa cacctgggtc cttttgcagc cagcgccac ccattcgtgc 60  
 ccggaccctt gggatgccc gcggctccag aggaaaaagc ccaggacgg ggctccgtt 120  
 gcgggggtc ggtgcttct tgggaacttt gtggtttccg gcgctggctg gctggctggc 180  
 tgtaagcac tgaagcccc cgccgcca cccctgaaag cagaacctgg cctccctggc 240  
 cacagcagcc ttaccaccg ctctacgtgt cccggcact tcccgcagcc ttcccgtccc 300  
 tttctcatcg gcctttagt tgtacagtgc tgttggttg aaaaaggtag gtgtggggag 360



tgcggctcat cactgagtag agaggtagaa tttctattta accagacctg tagtagtatt 420  
 accaatccag ttcaattaag gtgatttttt gtaattatta ttattttggt gggacaatct 480  
 ttaattttct aaagatagca ctaacatcag ctcattagcc acctgtgcct gtccccgcct 540  
 5 tggccccggt ggatgaagcg gcttccccgc agggccccc cttcccagtg gctgcttct 600  
 ggggacccag ggcaccccgg caccctcagg cacgctcctc agctggtcac ctcccggtt 660  
 tgccgttcag atggggctcc tgaggctcag gagtgaagat gccacagagc cgggctcccc 720  
 taggctgcgt cgggcatgct tggaagctgg cctgccagga ccttccacc tggggcctgt 780  
 gtcagccgcc ggccctccgc accctggaag cacacggcct ctgggaagga cagccctgac 840  
 cttcggtttt ccgagcacgg tgtttcccaa gaattctggg ctggcgccct ggtggcagtg 900  
 10 ctggagatga ccccgagccc ctccccgtgg ggcacccagg agggccctgc cggaatgtgc 960  
 agcctgtggg tagtcggctg gtgtccctgt cgtggagctg ggtgctgta tctggtgctc 1020  
 gtccacgcag gtgtgtggtg taaacatgta tgtgctgtac agagagagc gtgtggagag 1080  
 agccgcacac cagcgcacac caggaaaggc ggagcgggta ccagtgtttt gtgtttattt 1140  
 ttaatcaaga cgtttccctt gtttctctat aaatttgctt cgtgtaagca agtacataag 1200  
 15 gaccctcctt tggtgaaatc cgggttcgaa tgaatatctc aaggcaggag atgcatctat 1260  
 ttaagatgc tttggagcag acagctttag ccgttcccaa tccttagcaa tgcttagct 1320  
 gggacgcata gctaatactt tagagaggat gacagatcca taaagagag aaagataaga 1380  
 gaaaatgtct aaagcatctg gaaaggtaaa aaaaaaaaaa tctatttttg gacaaatgta 1440  
 attttatccc ccatgggatg cttgggtatg gcggggggga ggc 1483

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1347 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

45 tgaggctctc catgactgca agtgttatat tggactggat ggatcatgaag tccctttcat 60  
 agccagagat tttgtgtggc tgctaaaatg cttacatctc tggctatgaa agggacttca 120  
 tgaccatcca gtccaatata acacttgacg acagagaaac tgaggctctc catgacttgc 180  
 ctagtctccc agctagtgtt aggcaaaact ggattccac tctggtattc tttcttccct 240  
 ttacatcatt ttccctcctt tataatgtcc tgagagacca gaactcacac cagaatcgat 300  
 50 tattctcag gtgaagcata gactctttca tggtagacag atttcacgac tcagagatag 360  
 aaatctcttg ctatcatcag gtcacgggca gctcctgtgg agtcctgcc aacttatgtg 420  
 gcttcataaa aatggcaaca gtccaggctc cttgcctaatt ttagagcat taactcccta 480  
 attgccagta agcaaggagg tggatctctg caaacctaca ctgtctatga cagctctagt 540  
 tgtacttggg gtgactaaat acctcaaagg caacctgctt ctgcagggtt tgaagtgtca 600  
 55 gcttcataag acactgaggt ttagaattgt ttgattctag accataactg aagggcataa 660  
 atggaacag gatatgaagg gaaacaagta gcatcatgga gctgaaaagt ggtgcatcac 720  
 ccaatggcta gcacaaacaa ggatcacact gtccattctc ttgtctgcta aattaagcat 780

```

tttcttgccct cctttgcttc atctttttcac aacagctgga tagagggatc agaaatgact 840
gtgtcatgggt gctcattcac tgcaaaactcc cagttgcaag ctcccttggt cccccggagg 900
gagcaagaat ctcatagttc agagacacag agggcctttt agccctaata acctttttgga 960
tgggactgca actcatgact atcctgatata tgggaagaaag gactttgtta atcttctccc1020
5 ccatagctct gctgcgtagg tctacatctt actcagaatc actacacatt cctttagtct1080
tcctccaagc tccagagcca ttggtacaaa tgctttattg aaactaaata cataatacac1140
acaatgagat gaagacaata tagaagtccg catagtcata ataatcccg tccttggccg1200
gttgaggcag ctcaagtggc gagcccagtc aagccaaccc gcagcttcac tcacgacttc1260
aagatttgat gctaattctt ttggatttct acagttatta aataagtgtc tgagtggaaa1320
10 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaat
1347

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 15 (A) LÄNGE: 1683 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:118

```

35 aattcggcac gatgggggga atctccgacc ccgacaccct acacatctgg aagaccaaca 60
gccttctctc ccggttcttg gtgaacatcc tgaagaaccc ccagtttgct tttgacatcg 120
acaagacaga ccacatcgac gcctgccttt cagtcacgcg gcaggccttc atcgacgcct 180
gctccatctc tgacctgcag ctgggcaagg attcgccaac caacaagctc ctctacgcca 240
40 aggagattcc tgagtaccgg aagatcgtgc agcgctacta caagcagatc caggacatga 300
cgccgctcag cgagcaagag atgaatgcc atctggccga ggagtcgagg aaataccaga 360
atgagttcaa caccaatgtg gccatggcag agatttataa gtacgccaag aggtatcggc 420
cgcagatcat ggccgcgctg gaggccaacc ccacggcccc gaggacacaa ctgcagcaca 480
agtttgagca ggtggtggct ttgatggagg acaacatcta cgagtgttac agtgaggcct 540
45 gagacacatg gagagtgggt caggctgctg ctgggagaaa tggacgcca ctgggcctca 600
acttgatctt ctaccccgct cctgtgactc agactgggaa atactgagca gagacggctg 660
gggcgggggc aggaggagg gctgctctct gagacagggg cgcgcccgcc ttgacccctg 720
ggcacctcca tcccctccca cctgtcccca gatcagctc tgggatggag gccagagagc 780
tggtcaggct ccccatctg cccagcacgg cctgcaactgt gccacccac ttgctccaca 840
50 acgtccagtt ggtcctgctg ccaagagccc cgtgcatcca ggcggccaag cacaactgg 900
gggagaggag gccgccagcc cggaggctgc agcccagaaa ctctacctca tccacactgg 960
tgcagggagc cctccttgaa ctgacctttg attggtttct gcttcaacta ccaaaatgtt1020
atctccactt cccctcacc cgtagaggat cctggccaca gacagtttca agtagtgtca1080
gatttttgtt gcttgggagg ctgttggtag agtgggcagt gccgcgcca tggggtgctc1140
55 tgtgggcttc tccaggagca gggagggttg aggggaggga tggggggcac aggagctggg1200
agccccgtct ccaggaaaag gagaggggtt aagatgcacc gaggctgtag ctgggctact1260
tgatcttgct gaaagtgttt ctaaagatag caccactttt ttttttaaag cttttatata1320

```

ttaaaaaacg tatcatgcac caactgtgaa tagctgccgc ttgcccagag gacccgggga1380  
 ggggtcccga gaggtcccc atgcaacact ggaaatgact gttccagaga gcgggcagac1440  
 ctggcagagc gcccctggcg cctgagacta ccaccactc cgttcctgcc agaaacgacc1500  
 ctctgtggcc gatgggcat gggggccct cgcagccaac tcagccagtg ttgggactgg1560  
 5 ctcagagccc atgggggctg gaggggggca gctgggactc tggaaatctt tttataataa1620  
 aagccttacg gacaaaccta aaaaaaaaaa aacaagacaa gagagggaaa gggaaagaag1680  
 ggg 1683

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

10

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1355 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

acaagcatgg aagctttact gtttcggctc ttcaaacttc cagcaactac actgcggtgc 60  
 atcggacttc gacgcccgt ggtgacgcac acgctgcgcc ggaagtgtga acacaaagcc 120  
 35 tccaggtttt gtcattggcg ctgctgctgc acgctggaac catgtgtggg tcggcaccga 180  
 gactgggata ttgaaagggg taaatcttca gcgaaaacag gcggcgaaact tcacggccgg 240  
 aggacagccg cggcgcgagg aggcagttag cgccctgtgt tggggcaccg gcggcgagac 300  
 ccagatgctg gtgggctgcg cggacaggac ggtgaagcac ttcagcaccg aggatggcat 360  
 attccagggt cagagacact gcccgggcgg ggaggcattg ttccgtggcc tcgcccaggc 420  
 40 cgacggcacc ctcatcacat gtgtggattc tgggattctc agagtctggc atgacaagga 480  
 caaggacaca tcctctgacc cactcctgga actgagagtg ggccctgggg tgtgtaggat 540  
 gcgccaagac ccagcacacc cccatgtggt tgccacaggt gggaaagaga atgctttgaa 600  
 gatattgggac ctgcagggt ctgaggaacc tgtgttcagg gccaaagaac tgcggaatga 660  
 ctggctggac ttgcgggttc ccatctggga ccaggacata cagtttctcc caggatcaca 720  
 45 gaagcttgtc acctgcacag ggtaccacca ggtccgtgtt tatgatccag catcccccca 780  
 gcgcccggcca gtcctagaga ccacctatgg agagtaccca ctaacagcca tgaccctcac 840  
 tccgggaggc aactcagtga ttgtgggaaa cactcatggg cagctggcag aaattgacct 900  
 tcggcaaggg cgtctactgg gctgtctgaa ggggctggca ggcagtgtgc gtgggttgca 960  
 gtgccaccct tcaaagcctc tactagcctc ctgtggcttg gacagagtct tgaggataca1020  
 50 caggatccag aatccacggg gtctggagca taaggtttat ctcaagtctc aattgaactg1080  
 cctcctcttg tcaggcaggg acaactggga ggatgagccc caagagcctc aagaaccca1140  
 caaggtgccc ctagaagaca cagagacaga tgaactttgg gcatccttgg aggcagctgc1200  
 caagcggaag ctctcggtt tggagcagcc ccaaggagct ctccaaacga gacggagaa1260  
 gaagaagcgg cctgggtcca ccagcccctg acgcccctgt gccactttg taaataaact1320  
 55 gctgaacacc caaaaaaaaaa gaaaaaaaaa agggg 1355

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1816 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

```
25  ggtcagagag attctgaaaa gtaatccaaa gtgttccgta gctaaacatg gtgcaggctc 60
    gttgtaccac tgcaaccgac tgacgttact gtagttccta gaatgctgtg agggcggggg 120
    gttcagatca acataaagcc taacttgctg gagttgtagt ctcaaggctt tctctcttgc 180
    ttaactaaaa cctaaggacc actgtttttg gtagcaatta tatggttact atccactgca 240
    gtccctcagtt gttggggtaa atcccacatg gcagagtaag gcaccccaca gaaattaact 300
    tggagagcct gagaaattcc cagtggcctt gtcagctatt gttcttcac ttcgttttct gctgtcccaa 420
30  aaaatttaaat tctgtccctg gccagctatt gttcttcac ttcgttttct gctgtcccaa 420
    ggccagatga gtggaatcac catctgactg ttgtcaataa aatgtatctg gcgtgaacag 480
    caggataacc catgtttctc acataaggat aaccttacgt gaaaccttcc tgcgtgacaac 540
    catgcagagg aatttttcca cttaagtcag agccttcctc cccatctgga attcacagct 600
    gtcccttggc agcacacagg agggatttaa ggacctttgt gaggctaggt aactgtcca 660
35  cactctttg gggaggttac gattttttt ttccatcata attcagtctc ttcttattct 720
    acagtgtgca ctttatgcct ctgcctttt gataatagtt gttcagtga ggaagtcagc 780
    tgccagaata ttaagaaggg tctcccttta tgcagtaca actgttaggg cggccttccc 840
    atttacttta ggtttcaaga ggattcaccc gaagcacatg ccccggtcta gtcccatttg 900
    aaacagttct gctttactga gaccctaggc cggctcctt gctgacctta gcgtgctgc 960
40  ctaggtgcc a tttcctttcc tctcagtc aatacaggct gcacattttg tcacttaatg1020
    ccagtacaat ctgtgttact cctaaggact tttgggattt tgatgagacc tgcgaggagg1080
    aagacactga gaagccagt atctgcaagc atttgctctt gtttccacat cacctctggg1140
    atatttcagc tgttgtttcc aaatggcaaa tcatcaacta aaagcacttg tttcaagttt1200
    tgttctgcac tcccacgact gaagttgtag attgagctga ataaccatgg gaagtgaac1260
45  agcaaagaca ctcgattgga gtcagttgaa tatttgtagc ctcagtggag cccttctggt1320
    cttttcttcc acttctgcag aatttctct agcaaatact tctttctcct tgcttgctc1380
    caccatgata tttgaataag agatggccag aggataacac ttgtctctta aaaactaagc1440
    taataaagaac ctagaacctt caattgagca gttgtgaaaa ttgctaattg tgccaaggcc1500
    aagcaaaagag tttcagaaaa tgactgagaa ggagcgataa cccccagaat gcaaaatcag1560
50  gggcatcatt atccggtgct tgaacaagga gctccgctct acaactgggt ttttttagga1620
    ttgtgaggaa cacagcaacg gaaatccatc cacaaaggat gcagtgcccc aacttgta1680
    gcgcctgaat agtcatgtga taatttactg aagaaatcta gtgtacttta aattttttt1740
    ataaaagttt acattgtatt gtaggttaac attaaatggt ttatagcaaa aacttcaaaa1800
    aaaaaaaaaa aaaaaa 1816
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 740 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:123

```

tttagaattc agcatagggt gaggtcagaa agcaattcag gcatgagcca ccgtgcccg 60
cttcacaccc atttctttaa aaaggatccc gtagcaggca gaaaagcccc ttccatcctg120
ctcctctgat actgtgcccc cttggagata ttccgctcct ccaccacgt gtctgtggct180
ggaactgccc agcctgctcc tggccccctg gaagcctccc cacagctggt aatctggact240
taaggattgc tgggccaccg cctctctgcc taccaccatt ccatatttaa gtggagcccc300
tacgtagaaa ggccccgggg ctttatttta gtctccttt cagggatgtc gtgggcgggg360
gagggggttc ttggtgctac agccctctcc ccaccctaa agggacgccc acgctgtttg420
ctgccttcac cacatattag tgcttgaccc tggcagggga ccccatggaa aagatgggga480
agagcaaaat acatggagac gacgcaccct ccaggatgct cgctgggatt cccacgcccc540
ccactgtccc ccaccccatg gctgggaggg gcctctgaac ggaacagtgt cccacagag600
cgaataaagc caaggcttct tccccaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aagatagggt660
agttaaggcg gccgaaagt ttttccctt tagtaagggt tagtttttag tttggggttg720
gccttcgttt ttaagaacgt

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1493 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

```

aacacctgcc ctctgtcagc gcttttaggga gggcggtcca ggcgccccgg agcaggcaga 60
gtgcgtggag ctgctgctgg ccctgggcga gcctgcggag gagctgtgcg aggagttcct 120
ggcgcacgcc cgcggccggc tggagaagga gctgagaaac ctggaggccg agctggggcc 180
10 ctcacctccg gctcccagc tgttagagtt caccgacat ggaggcagt gcttcgtggg 240
cggcctctgc caggtggcgg cggcctacca ggagctgttt gcggcccagg gccagcagg 300
tgccgagaag ctggcgccct tcgcccggca gctgggcage cgctattttg cgctggtgga 360
gcggcggtcg gcgcaggagc aggggtggtg tgacaactca ctgctggtgc ggcgctgga 420
ccgcttcac cggcgcttgc gggctccggg ggcctgctg gccgctgccg ggctcgcaga 480
15 cgctgccacg gagatcgtgg aacgagtggc ccgcgagcgc ctgggccacc acctgcaggg 540
tctccgggcg gccttcctgg gctgcctgac agacgtccgc caggcgctgg cagcacctcg 600
cgtggctggg aaggagggcc ctggcctggc cgagttgctg gccaatgtgg ccagctccat 660
cctgagccac attaaagcct ctctggcage agtgacatt ttcaccgcca aagagggtgc 720
cttctccaac aagccctact tccggggtga gttctgcagt cagggtgtcc gtgaggccct 780
20 catcgtgggc ttctgtccact ctatgtgcc gacggtcag agcttctgcg acagccctgg 840
ggagaagggg ggtgccacac cacctgccct gctcctgctg ctctcccgcc tctgcctgga 900
ctacgagacg gccaccatct cctacatcct cactctcact gatgaacagt ttctggtgca 960
ggatcagttc ccagtgcgc ccgtgagcac gctgtgtgca gaggccagg aaacggcgcg1020
gcggctgctg accactacg tgaagggtgca gggcctggtc atatcacaga tgcgtgcgca1080
25 gagcgtggag actcgcgact ggctcagcac tctggagccc cggaatgtgc gggccgtcat1140
gaagcgggtg gtggaggata ccaccgccat cgacgtgcag gtggggctcc tgtacgaaga1200
gggtgttcgc aaggcccaga gcagcgactc cagcaagagg actttctccg tgtacagcag1260
ctctcggcag caggccgct acgccccag ctatacccc agtgccccga tggacaccaal320
cctcttgagc aatatccaga agctattctc tgaacgtatt gatgtgttca gccctgtgga1380
30 gttcaacaag gtgtcgtgc tgaccggcat catcaagatc agcctgaaga cgcttgctgg1440
gagtggtgct gggctgcgaa cttttttggc cttttgcggg cttcaacaag ggg 1493

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 250 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
50 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

ccagactgaa ttgtcagtga gcggatctga gggcggtgtg gaggggccag tggggcttgg 60  
 ccgagatgga caaccggatt ccttatgatg actagccggt gggttcttgc ctgcctatga120  
 gaatcctcca gcatggaatc ctctcatga gaggtacac agccggacta caacgatgag180  
 5 ttgaccaggt tttggcccga accatcacac tgaagaagcc tcctggagtc attgggatta240  
 agatcgaggg 250

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 1202 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

30 tcgggggggag cggcgcgggcg gcgcgggagt tggttctaaa gagggtgag tcagaagaga 60  
 cgtagcagcag caagcgactt gggccatggc ctctgaccta gacttctcac ctccggaggt 120  
 gcccgagccc actttcctgg agaacctgct acggtacgga ctcttcctgg gagccatctt 180  
 ccagctcatc tgtgtgctgg ccacatcgct acccatctcc aagtcaccag aggcggaggg 240  
 35 tgaaccgtct gagccagaa gtgctgaggt gacgaggaag cccaaggctg ctgttccttc 300  
 tgtgaacaag aggcccaaga aagagactaa gaagaagcgg tagaagagga ggcctgagga 360  
 gctgggcggg caggagaggg gtcttgggga cagccctcct gggaatctac attgtgttcc 420  
 cccgcattcc aggtcaggg tctgaggagg ctgtgacgcc ctatgaccgc agagatctag 480  
 acagtcgtaa cagtccccag gctccagctg ggcaatccac cacttctctt tccttctgct 540  
 40 tctgtgacgg tttagagtca agggggctga aacacactgt gagcatagac tgtattaggt 600  
 ttgttcagaa gccgggtcag ctcacagagt cacatcttct tgcttagtca tgtgtccctc 660  
 cttgagttgc cccctccttg tgggtttaca ctacatcttg gaggcattgt ctaatgctga 720  
 caagcacacc ctctcccat atttgtgcac tacagatctc ctgtgatca gtcaccttg 780  
 ttgtctgtgt gtagacagag ccaggcctca cctgtttgtt taggccaaga tgccatggac 840  
 45 atgcagcgtt agtgatccca ctgctgtga cagccaggcc cagaaaatgc ctggcgtgag 900  
 agccagcaga cagccaggcc aggggtaggg agtgccctgct tctgtccat cagggtcagg 960  
 ggatttggct gaaggcgtgc atatttcctg ggcacaaact tcctgagcct ctgaaatggg1020  
 aggtcgtca atttcagacc aacctctttt caaccatca tagcacgttc aagggtgtgc1080  
 ttttacttct acctgtacat ccccatccc ttcaattctt tcattccctg accagtga1140  
 50 gggttcctgg ggggaagtat gtgaataaac tgacatgcat gcttcagaaa aaaaaaaaaa1200  
 aa 1202

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 1014 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

- 15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

20  
cccttttttt ttctttttga gatgggggga aagtcctagc aaaaggcagg agtttagcatt 60  
ttcctttaac aagactttct aatgctaaac aaagaccaac ttctttttaa aggggttggt 120  
ttgggttggt gtgaaaaata ctgtactgta atgatctgct tgggttttaa gcaaaagaga 180  
tcctgacatg tgaaccaaat acaccaaata gccaaagtcca caaatgaaca aaacaagtgc 240  
25 ttaaaaaaaaa aattcttctg ctcttatatt ttggaggaa gctgctgatt ttggctgtca 300  
gatttcactt agaaatgggc actttctgag atgcttttct ctacacagaat ctgtagataa 360  
actcattaaa agattgtccc atttcaaaat caccaccaag tctagcagca ctgttttttt 420  
tttttttagt tttgttttta aaattacaaa ccaagtaaga agtocaacat cctcttccat 480  
gaacagcttt gtgacagagc tcctgagtggt gtgcagcccc cactgtgctc tgaatacagt 540  
30 ctctgcagct ccagtgtgtc ctcttttcag gaaggaaagc atattcaata cattcactat 600  
ctgtaccccc tggaaactgc acatgctgac gagctattat aagccaactc atccccagct 660  
ctcttccggg actggtcacc ccttgtaaaa ccattctgta taagttctct ttgaaatttc 720  
tgatcttgag cagcatattc agaaagttca gattccaccg ccggaggagg aatgttttga 780  
ataaatttag aaaatagagt tggagccatc tgaacccact ctggtctgag ggtatacagg 840  
35 cctttcacaa tatttgccat agttgaaggt gtgacctgaa atggtgttga ctgggcttct 900  
aaaagtaaag gcattaggcc gtaaatgtgc ttttctgcaa catgttccgt aaacagcttt 960  
ataagggcac cttaagccc gggtaagctg gtccatggga acctatcggt ttg 1014

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1171 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:



(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

```
10  caccaaatta atcagggtta cagacagggt cccaccggta ttcacattct tgttagtgat 60
    cagatggttc agaattttca agatgagagt tgttttttat tctccacagt aaaagctgaa 120
    agtagtgatg gcatccacat aattttgaaa tgatgtctta tatagactga actgtattca 180
    gtaccaaata gtcacgctta aaagtgtgtg aagactgaat ccaagaagtc ttgggattgg 240
    attttaccat atgaaatggt tcatattgaa aacacaagat gacctttcta atgagctgta 300
    tgagagggtga atctcctcac tgtcactgcc atagccaagc atcctcatga gagtgagcac 360
15  atcggcacag catgcatcca gctctggagg ccacggtgca ggcatagctg cctgctgctc 420
    tggcagaggc cagtaaatac agttcctaga agcagccttt gctgtctttt tacactgtat 480
    gcggttttga aatgaatgta gaaacttaact gtgggcattt acctttctgt gccagtttgg 540
    cttttattgc ctgaacctta tgcctgacct gagaggagat gggggacagt gctgttgggg 600
    ggccagcagt gaatctgtat gcggagagtt gtgttgtgct gatgtggccg ttggtgggtca 660
20  ggtaagaaggc tcggcacctt cttggaagaa atcatgtctg aggggtgacg ttgatatga 720
    tcatgccaga ttggagaaga tccaagccag gaagatgggc ttgaagcaaa ctgcattatc 780
    aggagtacct tggtgagagg atcagtgtaa atcctaatag gtacaaagac ttttgtgttt 840
    tggctttgtc acagatttat tgaaaaactt ttttgcttct gcttccattt ttagcatttt 900
    agtttctggt tttcattttt ggagattcct tgccttttaa actcgtgggt tttctctcat 960
25  tttcttccct ctctccctcc atctctgacc acccccaccc taacccccca cccccaccat1020
    cctattaaac atttttaaag ccctacccca gacattggga aatagggtgga cccaagtagg1080
    gggggaggaa agtattgatt tgtttggata ggcttgtgga ttaggggtgtt aaggggttct1140
    tggattatgg aacaaggtgg aatttttttt g                                     1171
```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 353 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

```
55  ggccgggacg cagggcaaag cgagccatgg ctgtctacgt cgggatgctg cgcctgggga 60
    ggctgtgcgc cgggagctcg ggggtgctgg gggcccgggc cgccctctct cggagttggc120
    aggaagccag gttgcagggt gtccgcttcc tcagttccag agaggtggat cgcattgtct180
```

ccacgccccat cggaggcctc agctacgttc aggggtgcac caaaaagcat cttaacagca240  
agactgtggg ccagtgcctg gagaccacag cacagagggg cccagaacga gaggccttgg300  
tcgtcctcca tgaagacgtc aggttgacct ttgccaact caaggaggag tgg 353

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 205 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

30 cggctgagcg gccccgcagc caacccccga ggagcggccg gctggcgctgc cgctggcgcc 60  
caggagtgg ggatgtccta caaacccatg cgcacctggc tgcccagcag caccacctgg120  
tctgccaggc accccctggg gcccggggca ccccggttcc ctgacaggga ggcgtgcgcg180  
tgcccgctgc ggggctgcag tgtcc 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 211 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 50 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

5 aaatcacctt acaacccatt tctcagaaca tggtttctatt gttaaacaac acacaactat 60  
 tttatttatg tggtttatgt atgcctgac accaatatca ataactgaaa cacagcagtt120  
 tagtaataat ttaatacaca ccataacctg cctattgaga atggcattat atttgttttc180  
 attgtagtgg ctccatccaa aataaaatga t 211

## 10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 867 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

gttttcccaa gatggagatg ctaacgaaac tgagaagggg gcgtatgttt gacgaagggt 60  
 35 tgtgcaagtc aggccttctt ggaacacagc agggcctaca acgaggggccc tttgcatggt120  
 gctgtgagga tgggggtggt gggaagaatt ggccacgtta gagaccccat gccacccac180  
 catggtgagt gctctgtgcc tcctgctcac ctgtggtgag tggcgagct gggcgagctg240  
 ggcgagctgg gctggggaga gcctgtgagg accgagagga gaaatgagaa gaaggaacaa300  
 aaatattatt tctatgtaat ttatatttta cttatgcaa attatttatg ataatttgcc360  
 40 attgctatac tgtaccagtg tcaaatgctg cagcctgcc aagctgtgatt ttgtgaggct420  
 tgtccctatg taggatgcac cgacggcccc tggccactga aagagtgtgc agtggactgt480  
 gggctctcca tatgcggtgc cgcccaaagg tggctttgcc tcaagcaacc taccctgatg540  
 tttactcat tggaaatgtt ttccccgatt gtggatgact tcttttctga tggagagagt600  
 ccaggaggga tggaaaacgc ctggatttaa gctcagcatc cccacatgg gcttttcgat660  
 45 catcttcagg cctgaagctg cacgacctga agttgcctg catttatcag ccctctttgt720  
 gctgctcctt gccaccttg ggttcctgct ggggacctg tgtggttgtg gcatgtgtga780  
 gcagaaggga gtagtaggaa aaaagagaag gaaaccccc ttagtgacaa gtgttttttt840  
 gagtggccag gttttgccat cattaata 867

## 50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 257 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

55 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

20

```
aattcagact cccattctta acttggcatt tttgtagctt acaggaacca gcttggtgta 60
ccttctctta tgagatgcag ctggaaagcc atttatgcaa gaggtggttt cacttttgtc120
gctcctccat tcattgaccc ttcagccttt aaaaaattag aatgtgaaaa ttagtagcaal80
agagtgcaga gatattagct taagggataa ataaatgaaa gtagcaagta gtcattatt240
tatgaagagt aataatt 257
```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 204 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

50

```
gactggctca tggcctctgt aaatggctgc tggcgggact gtctgcctag cgggtgccct 60
tggaacctag cccttggtgg gttttgagga aatgattcct gaatgaggag tcgattgccg120
tgtgaagggc tggtagcacg gcacccgcgt gagctacgcg tgccctcagt gcgcttctgg180
attgactggc catgggtgct caca 204
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 245 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

25 ttgcaccatg gtaaacgtgg ataatacagt atcatttttg agcagttttt taaatgtaaa 60  
tctgtatott actcagagtg tgtgtctgaa gttattaagg acatttccca acgttactgg120  
cccatttccc ttgtaatca gaggaattct gtttcaagat tattgttgtg tgtgatctgt180  
ggctcttgat cagaatgaag ttaaatggcc acaggaggat taagctatga ggttggcatt240  
tttca 245

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 1637 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

```

5  ggggaggagac gagtatggaa ccctgaaggt agcaagtcca ggcactggcc tgaccatccg 60
   gctccctggg caccaagtcc caggcaggag cagctgtttt ccatcccttc ccagacaagc 120
   tctattttta tcacaatgac ctttagagag gtctcccagg ccagctcaag gtgtcccact 180
   atccccctctg gaggaagag gcaggaaaat tctccccggg tccctgtcat gctactttct 240
   ccatcccagt tcagactgtc caggacatct tatctgcagc cataagagaa ttataaggca 300
   gtgatttccc ttaggcccag gacttgggccc tccagctcat ctgttccttc tgggcccatt 360
   catggcaggt tctgggctca aagctgaact ggggagagaa gagatacaga gctaccatgt 420
10 gactttacct gattgccctc agtttggggt tgcttattgg gaaagagaga gacaaagagt 480
   tacttgttac gggaaatatg aaaagcatgg ccaggatgca tagaggagat tctagcaggg 540
   gacaggattg gctcagatga cccctgaggg ctcttccagt cttgaaatgc attccatgat 600
   attaggaagt cgggggtggg tgggtgggtg gggctagtgg gggttgatt tagggggccga 660
   tgagcttggg tacgtgagca ggggtgtaag ttaggggtctg cctgtatttc tgggtcccct 720
15 ggaaatgtcc ccttcttcag tgctcagacct cagtcccagt gtccatatacg tgcccagaaa 780
   agtagacatt atcctgcccc atcccttccc cagtgcactc tgacctagct agtgccctggt 840
   gcccagtgac ctgggggagc ctggctcagc gccctcactg gtccctaaa ccttggtggc 900
   tgtgattcag gtccccaggg gggactcagg gaggaatatg gctgagttct gtagtttcca 960
   gagttggctg gtagagcctt ctagagggttc agaataattag cttcaggatc agctgggggt 1020
20 atggaattgg ctgaggatca aacgtatgta ggtgaaagga taccaggatg ttgctaaagg 1080
   tgagggacag tttgggtttg ggacttacca ggggtgatgt agatctggaa cccccaagt 1140
   aggctggagg gagttaaggt cagtatggaa gatagggttg ggacaggggt ctttggaatg 1200
   aaagagtgac cttagagggc tccttggggc tcaggaatgc tcctgtctgt gtgaagatga 1260
   gaagggtgctc ttactcagtt aatgatgagt gactatattt accaaagccc ctacctgtg 1320
25 ctgggtccct tgtagcacag gagactgggg ctaaggggccc ctcccaggga agggacacca 1380
   tcaggcctct ggctgaggca gtagcataga ggatccattt ctacctgcat ttcccagagg 1440
   actagcagga ggcagccttg agaaaccggc agttcccaag ccagcgctg gctgttctct 1500
   cattgtcact gccctctccc caacctctcc tctaaccac tagagattgc ctgtgtcctg 1560
   cctcttgctc cttgtagaat gcagctctgg ccctcaataa atgttctctg cattcatctg 1620
30 caaaaaaaaa aattttc                                     1637

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 35 (A) LÄNGE: 260 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

```

55  aaaagcatag ctactctgt aataggctat ttctatgatt tcaagtgggt ttatgaagaa 60
   acagaaagca gtgatgatgt tgaagtgtg actctcaaga aattcaaagg agacctggcc 120

```

tacagacgac aagagtatca ggtagaattc aacatatggt gcttgaagtg ggctcttggt180  
 ttatcagtta tggcatatgt aaataacagt gtaccaagtt agtgtggtgt ttatgaagat240  
 gagtttaatc ttttgtgatg 260

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 957 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

30 ggggaatttg tctttggaag gcttgtgcaa cctctacaac tggcgataga agaactctagg 60  
 aaacttaccc catgtgcagc tcttgccaga gtttagtaca gcaaatgctg gcttactgta120  
 tgacttccag ctcattaatg ttgaagattt tcaaggagtg ggagaatctg aacctaatacc180  
 ttacttctat cagaactctg gagaggcaga atatgtagta gcacttttta tgtacatgtg240  
 tttacttggg taccctgctg acaaaatcag tattctaaca acatataatg gccaaaagca300  
 tcttattcgc gacatcatca atagacgatg tggaaacaat ccattgattg gaagacccaaa360  
 35 caaggtgaca actgttgata gatttcaagg tcaacagaat gactatattc ttctttctct420  
 ggtacgaacc agggcagtg gcatctgag ggatgtccgt cgettggtgag tggccatgta480  
 tagagccaga cttggacttt atatcttgcg cagagtatcc ctcttccaaa actgttttga540  
 actgactoca gctttcagtc agctcacagc tcgccccctt catttgcata taattccaac600  
 agaacttttc ccaactacta gaaagaatgg agagagacca tctcatgaag tacaataat660  
 40 aaaaaatatg cccagatgg caaactttgt atacaacatg tacatgcatt tgatacagac720  
 tacacatcat tatcatcaga ctttattaca actaccacct gctatggtag aagagggtga780  
 ggaagttcaa aatcaagaaa cagagttgga aacagaagaa gaggccatga ctgttcaagc840  
 tgacatcata cccagtcaca cagacaccag ctgccgtcaa gaaactccag cctttgagcg900  
 tgagagccgc cccggtgggg aaggggcaat tgcgttgggg gggcttgggt gtttttt 957

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 760 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

15 gtggaatata atagatatata atttgtggtt gggtttttctg cctgctttaa atgaaatgta 60  
ttatgtttct gggtttcctt tttagctgta aaaatacttc gtcactaaag catgaaattt120  
aatcagcagt tgttcttcaa gttcctgaaa gctataaaaag tttctcatga cttgagtgg180  
tttttccctg cccaccagag gagaaagccc ttgtagaatt ctgcagtgtt acaagtgttc240  
cctacaaaaa ctgaaaccat cagctcctct ttaacaagtt ggctttttaa aagcacgtaa300  
20 ttacaattta atggtattct gtaaagtggg gctctaggca taatttaa tctttttaat360  
gactatattt cttcaaaact ttgaaagaaa aatgtgttct ttttgctgca tcctttgtaa420  
gaagactgcc aacagaggaa aaaggacttt acaaattaag accatcttgg tttcatttcc480  
acaaagatga gaacaaatca tgggttagg aaaggatcct tagaagaaca caagaatttg540  
aaagcccttg gtggttatca ctactatatt tcatatttcc acagaagtga cttagccaag600  
25 ctctgcattt tgagcctgct gactttcatt taaaaggaat gaaaggctga aaatccaggc660  
tgctgtgtct gtagataaag gtcaaaccat gtttgagttc ttcactgttg tgtccaccta720  
aataaaactg agtaagtaat gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 760

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 280 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

aggaaccctc cggcctagaa gttcagatgt cttgccaata tatctgtgct tcacaacttg 60  
cctactctct ctgacccta acattttcac atacttttcc aattctgcct gtcataaatt120



tgctgcttcc ccctaagtag aatgttgatt cctgtcaaac acacagccta gccctgattc180  
 ctctcttctct ctcaagcagt gatattgtca acaatgataa acaactacta tgtactgagt240  
 gtttttttat gtgctgctca cactttatac acatgtatag 280

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 461 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

30 ggggcccgtc gaggggaagca cccgccgggt ggccgaagtc cacgaagccg ccctctgcta 60  
 gggaaaaacc ctggttctcc atgccacacc tctctccagg tgccctctgc ctcttcaccc120  
 cacaagaagc cttatcctac gtccttctct ccatctatcg gaccccagtt tccatcacta180  
 tctccagaga ttagctatt atgcgcccgt ctacagggg tgcccgacga tgacggtgcc240  
 ttcgcagtc aattactctt cgggtcccaa ggtttggtt tcacgcgctc cattgccccg300  
 gcgtggcagg ccattccaag cccttcggg ctggaactgg tgcggagga gcctcgggtg360  
 35 tatcgtagc cctggtgttg gtgttgctc actcctctga gctcttctt ctgatcaagc420  
 cctgcttaaa gttaaataaa atagaatgaa tgataccccg g 461

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 436 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

10 caaagatgtc atgtggccag aatcatcttt tagtctcacc actccacact gatggtcaca 60  
tagaggtgtg agttgggaag ttgttaaata caagaggggt tgagcttctg gagaagagga120  
aaatgtaaaa gtattttttc ctttaagaaa gataaaaagg taagcctaaa ccttggcggc180  
caccgaagtc agctgttacg catgtgtagt taaatttcac tgtaaatatt tcataagggt240  
tcttagaatg gagccagggt gacatcacag cccaactgt accaaaggaa ccatttcatt300  
15 caaataagcc aacattttcca aagaaacacg aatgtctatg gcagaggtta cataagggtca360  
gaaaatcctc tggaagaaat ttcggtatca atgtttataa tctctgcatt taggggtttg420  
ccagtttggg caaaaa 436

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 287 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

ctttaaagta gggctgtgga agggggatat agtagagggg gagagggctg ttttatacac 60  
gtataaatgg tatacccat ttatacacgg tggtcagaga agctctgac aggtgacgta120  
tgtacagaaa gtcactgtgg cctgagtaga gtcaaggaga aggagcagca agagttgagc180  
45 ttagggaggt ggagaagggg tggaatagat caagcaagac cttggccctg gtagggatct240  
gggattttaa gtgagaggac aaccgttggg atgttgtgag cacagaa 287

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 555 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
10 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
15 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

```
ggcgacgcct cggtagtgac ctctgcagag ccgggtggag cccattgacg tccagcgaac 60
gaggagcagc gatggacggt cgggtgcagc tgataaaggc cctcctggcc ttgccgatcc120
ggcctgcgac gcgtcgctgg aggaaccgga ttccctttcc cgagacggtt gacggcgata180
ccgaccgact cccggagttc atcgtgcaga cgggtcccta catgttcgtg gacgagaaca240
cgttctccag cgaacgcctg aaggtgacgt tcctcatcac ccgcctcaca gggcccgccc300
tgacgtgggt gatccctac atcaagaagg agagccccct cctcaatgat taccggggct360
ttctggccga gatgaagcga gtctttggat gggaggagga cgaggacttc taggccggga420
25 gaccctcggg cctgggggcg ggtgctctgg ggagggtccg ctgtgttact ggccgcgcc480
agggtcgcca ccggcgccct ccctccgcga gtccctcccc ctcgaaaccg ccgcgaagtc540
ccctgcggtg ctgtt 555
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1790 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
45 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

```
agtgagaaag cagggactct tcggcctagg cagccgggac ccagccagcc ctgcgcctcg 60
cgccgtcgcg catgcgtcct ggtctttctc tagagttgta tatatagaac atcctggagt 120
```

```

ccaccatgaa cggacagttg gatctaagt ggaagctaatt catcaaagct caacttgggg 180
aggatattcg gcgaattcct attcataatg aagatatattac ttatgatgaa ttagtgctaa 240
tgatgcaacg agttttcaga ggaaaaacttc tgagtaatga tgaagtaaca ataaagtata 300
aagatgaaga tggagatctt ataacaattt ttgatagttc tgacctttcc tttgcaattc 360
5 agtgcagtag gatactgaaa ctgacattat ttgttaatgg ccagccaaga ccccttgaat 420
caagtcaggt gaaatatctc cgtcgagaac tgatagaact tcgaaataaa gtgaatcggt 480
tattggatag cttggaacca cctggagaac caggaccttc caccaatatt cctgaaaatg 540
atactgtgga tggtagggaa gaaaagtctg cttctgattc ttctggaaaa cagtctactc 600
aggttatggc agcaagtatg tctgcttttg atccttttaa aaaccaagat gaaatcaata 660
10 aaaaatgttat gtcagcgttt ggcttaacag atgatcaggt tttagggcca cccagtgtc 720
ctgcagaaga tcgttcagga acaccogaca gcattgcttc ctctctctca gcagctcacc 780
caccaggcgt tcagccacag cagccaccat atacaggagc tcagactcaa gcaggtcaga 840
ttgaaggta gatgtaccaa cagtaccagc aacaggcccg ctatggtgca cagcagccgc 900
aggtcccacc tcagcagcct caacagtatg gtattcagta ttcagcaagc tatagtcagc 960
15 agactggacc tcaacaacct cagcagttcc agggatatgg ccagcaacca acttcccagg 1020
caccagctcc tgctttttct ggtagcctc aacaactgcc tgctcagccg ccacagcagt 1080
accaggcgag caattatcct gcacaaactt aactgccc aacttctcag cctactaatt 1140
atactgtggc tcctgcctct caacctggaa tggctccaag ccaacctggg gcctatcaac 1200
20 caagaccagg ttttacttca ctctctggaa gtaccatgac cctcctcca agtgggccta 1260
atccttatgc gcgtaaccgt cctccctttg gtcagggcta taccacact ggacctgtt 1320
atcgataagg aggtcctct acaccaatta atgtagctgc tagctattgg cctcccaaaa 1380
gactccagta ctattttaat ttgtattgaa gaagttcaga aattttaaag cagagcattt 1440
tttatgatat cattgttggg gttaattgaa agtataattt gctggaacac aaagaccaaa 1500
25 atgaaagttt tttcctccct gcttaaaaat gtagcagctt cttagttact ttggaacact 1560
actcttacat gtataaagt attgacttga ctttctagct tccctgtcc ggaggatatt 1620
aaaatgcttg ggtgaggtt agccatctta cttggctttt tactattaac atgatgtact 1680
aaagtagagc cctttgagaa tacaagatat tatgtataaa atgtaacact gatgataggt 1740
taataaagat gattgaatcc aaaaaaaaa aaaaaaaaa aaaaaaaca 1790

```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 2357 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

```

ctcgagccga atcggtctga gcgcagacct gcagcgggca aagagctccc gaggaagcac 60
55 agcttgggtc aggttcttgc ctttcttaat gtagagaca gctaccgga ggaggggaac 120
aaggagttct cttccgcagc ccttttcccc acgcccaccc ccagtctcca gggacccttg 180
cctgcctcct aggtctggaag ccatggtccc gaagtgtagg gcaagggtgc ctcaggacct 240

```

```

5   tttggtcttc agcctccctc agcccccagg atctgggtta ggtggccgct cctccctgct 300
    cctcatggga agatgtctca gagccttcca tgacctcccc tccccagccc aatgccaaagt 360
    ggacttggag ctgcacaaag tcagcaggga ccaactaaatc tccaagacct ggtgtgcgga 420
    ggcaggagca tgtatgtctg caggtgtctg acacgcaagt gtgtgagtgt gagtgtgaga 480
10  gatggggcgg ggggtgtgtct gtaggtgtct ctgggcctgt gtgtgggtgg ggttatgtga 540
    gggatatgaag agctgtcttc cctgagagt ttcttcagaa cccacagtga gaggggaggg 600
    ctctgggggc agagaagttc cttagggtttt ctttggaatg aaattcctcc ttcccccat 660
    ctctgagtag aggaagccca ccaatctgcc ctttgagtg tgacgggtgg aaggttaagag 720
    gttggtgtgg agttggggct gccatagggt ctgcagcctg ctggggctaa gcggtggagg 780
15  aaggctctgt cactccaggc atatgtttcc ccatctctgt ctggggctac agaatagggt 840
    ggcagaagtg tcacctgtg ggtgtctccc tcgggggctc tccccctaga cctccccctc 900
    acttacataa agctcccttg aagcaagaaa gaggggtcca gggctgcaaa actggaagca 960
    cagcctcggg agtggggagg gaaagacggt tctatatcca gtctctgctc tctgtctatg 1020
    ggtggctgtg acaacctgg cctcacttga ttcatctctg gttttcttgc caccctctgg 1080
20  gagtccccat cccattttca tcctgagccc aaccaggccc tgccattggc ctctgtcccc 1140
    ttggcacact tgtaccaca ggtgaggggc aggacctgaa ggtattggcc tgttcaacaa 1200
    tcagtcatca tgggtgtttt tgtcaactgc ttgttaattg atttggggat gtttggcccc 1260
    aatgagaggt tgaggaaaag actgtgggtg gggaggccct gcctgaccca tcccttttcc 1320
    tttctggccc cagcctaggt ggaggcaagt ggaatatctt atattgggcg atttgggggc 1380
25  tcggggaggg agagaatctc ttgggagtc ttgggtggcg tggtgcattc tgtttcctct 1440
    tgatctcaaa gcacaatgtg gatltgggga ccaaaggtca gggacacatc cccttagagg 1500
    acctgagttt gggagagtgg tgagtggaag ggaggagcag caagaagcag cctgttttca 1560
    ctgagcttaa ttctccttcc cagataaggc aagccagtca tggaatcttg ctgcaggccc 1620
    tccctctact ctctctgtcc taaaaatagg ggccgttttc ttacacaccc ccagagagag 1680
30  gagggactgt cacactggtg ctgagtgacc gggggctgct gggcgtctgt tctttacca 1740
    aacctccat ccctagaaga gcacagagcc ctgaggggct gggctgggct gggctgagcc 1800
    cctggtcttc tctacagttc acagaggtct ttcagctcat ttaatcccag gaaagaggca 1860
    tcaaagctag aatgtgaata taacttttgt ggaccaatac taagaataac aagaagccca 1920
    gtggtgagga aagtgcgttc tcccagcact gcctcctgtt ttctccctct catgtccctc 1980
35  cagggaaaat gactttattg cttaatttct gcctttcccc cctcacacat gcacttttgg 2040
    gccttttttt atagctggaa aaaacaaaat accaccctac aaacctgtat ttaaaaagaa 2100
    acagaaatga ccacgtgaaa tttgcctctg tccaaacatt tcatccgtgt gtatgtgtat 2160
    gtgtgtgagt gtgtgaagcc gccagttcat ctttttatat ggggttgttg tctcattttg 2220
    gtctgttttg gtccccctcc tcgtgggctt gtgctcgga ccaaagagaa aaacgttttg 2280
40  ggggcttcta atttatcttg aaaaatttaa ctttgagcga aaagggggag tgttttaccg 2340
    tgggggggta aaataaa

```

2357

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

## 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 907 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148

5 gttcattgtc tggcaccaag ctctctgggg tgaattttct tccaaaagag tccggggagt 60  
 ccaggtcctt ctctctgggt actcataacg cggcccccatt tctcactccc attgggcgctc120  
 gggtttctag agaagccaat cagtgtcgcc gcagttccca ggttctaaag tcccacgcac180  
 cccgcgggac tcatattttt cccagacgcg gaggttgggg tcatggcgcc ccgaagcctc240  
 ctctgctgc tctcaggggc cctggccctg accgatactt gggcgggtga gtgcgggggtc300  
 cagagagaaa cggcctctgt ggggaggagt gaggggcccg cccggtgggg gcgcaggact360  
 10 cagggagccg cgcccggagg agggctctggc gggctctcagc cctcctcgc ccccaggctc420  
 ccaactcctt aggtatttca gcaccgctgt gtcgcggccc ggcgcgggg agccccgcta480  
 catcgccgtg gactacgtag acgacacgca attcctgcgg ttcgacagcg acgcgcgat540  
 tccgaggatg gagccgcggg agccgtgggt ggagcaagag gggccgcagt attgggagt600  
 gaccacaggg tacgccaagg ccaacgcaca gactgaccga gtggccctga ggaacctgct660  
 15 ccgcccgtac aaccagagcg aggtcgttga gtgaaccccg ccggggggcg aggtcacag720  
 cacccccacat ccggcacggg accgcccggg tccttcagag ttccgggtgc gaaatgtacc780  
 ccgagggagg ggagggcgtt gattgctgga gtggatactg ggggggtttt acgcaggttc840  
 attttcagtt taggccaaaa tcccgcggg ttggggcggg atgggggggg gttaggtggg900  
 cggggtt 907

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1987 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- 35 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149

45 aggagggcgtg gggggggggg cgggggagtc agggaagagc accatcgta agcagatgaa 60  
 gatcatccac gaggatggct actccgagga ggaatgccg cagtaccggg cggttgtcta 120  
 cagcaacacc atccagtcga tcatggccat tgtcaaagcc atgggcaacc tgcagatcga 180  
 ctttgccgac cctccagag cggacgacgc caggcagcta tttgactgt cctgcaccgc 240  
 cgaggagcaa ggcgtgctcc ctgatgacct gtccggcgtc atccggaggc tctgggctga 300  
 50 ccatgggtgtg caggcctgct ttggccgctc aagggaatac cagctcaacg actcagctgc 360  
 ctactacctg aacgacctgg agcgtattgc acagagtac tacatcccca cacagcaaga 420  
 tgtgctacgg accgcgtaaa agaccacggg gatcgtggag acacacttca ccttcaagga 480  
 cctacacttc aagatgtttg atgtgggtgg tcagcggctc gagcgaaga agtggatcca 540  
 ctgctttgag ggcgtcacag ccatcatctt ctgcgtagct tgagcgcta tgacttgggt 600  
 55 ctgctgagg acgaggagat gaaccgcatg catgagagca tgaagctatt cgatagcatc 660  
 tgcaacaaca agtggttcac agacacgtcc atcatcctt tcctcaaca gaaggacctg 720  
 tttgaggaga agatcacaca cagtcccctg accatctgct tccctgagta cacagggggc 780

```

aacaatatg atgaggcagc cagctacatc cagagtaagt ttgaggacct gaataagcgc 840
aaagacacca aggagatcta cacgcacttc acgtgcgcca ccgacaccaa gaacgtgcag 900
ttcgtgtttg acgccgtcac cgatgtcatc atcaagaaca acctgaagga ctgcggcctc 960
ttctgagggg cagcggggcc tggcgggatg ggccaccgcc gactttgtac cccccaaccc1020
5 ctgaggaaga tgggggcaag aagatcacgc tccccgcctg tcccccgcc gcttttctcc1080
tctttcctct ctttgttctc agctccccct gtcccctcag ctccagacgt aggggagggg1140
ttgccacagg cctccctgtt tgaagcctgc ccttgtctga gatgctggta atggccatgg1200
taccoccttc tgggcatctg ttctggtttt taaccattgt cttgttctgt gatgagggga1260
ggggggcaca tgetgagtct cccaaggctg cgtctggagg ggcccctgct tctccagcct1320
10 ggacccccag ctttgcccaa caccagcccc tgccccagcc caagtccaaa tgtttacagg1380
gagcctcctg cccagtcctc caaccccagc cgctcggagg ccccaaagga aaaagcacaal440
gaagcgtgag acgccaccat tcttgaaac cacagtccac ctgctcattc tcgtagcttt1500
ttaaaaaaat gaaagtaaaag gaaaaaaaaa aaactgcaa tctagaaaac tttttagaga1560
aaaactattt aaaactgtca gatcctgacc agcaagcgcc cccccagccc cccttccaag1620
15 tgactcctgt ccttgagtgt gtctgcgtgt ttacaccgt cctctgctg gccgcccccg1680
tgcgagcggc acccctgccc tgccctccac agaattgggt tccaagggtc gttccagaca1740
actgccaacg tactgaggg cctgccccca gcggccctgg ccccaggctc tattaacctal800
aaatgtagct ccctagcgt aacctagaa ccgcccgtgc ctgctggggg gccacgcccc1860
tcatgccctt gtcccaggcc cggggccttc agcgttgaac acttccttgc ttttttcaca1920
20 tgttttatgg aattgttcac ctggtttgaa ataataaaat gtagaaagga aaaaaaaaaa1980
aaaaaaa
1987

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

## 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2906 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 151

```

gtccagaagc aaaaattaag ttccccaggt tttccatgcc caagatcgcc atcccagggtg 60
tgaaaatggg ggggtggggga gccgagggtcc atgccagct accctctctt gaaggagact 120
tgagaggacc agatgttaaag ctcaagggc ccgatgttct tctaaagggg ccaggagtag 180
50 acttgccctc agtgaacctc tctatgcaa aagtctctgg gcctgacct gatctgaact 240
tgaaaggacc aagtttgaag ggagacctgg atgcattgt tcccagcatg aagggtgatg 300
ctccagggtc caacctcagt ggtgtcgggt gcaaaatgca ggtgggagga gacgggtgta 360
aagtgcagg gatcgatgcc acaacaaagc ttaacgttgg ggaccagat gtgacactga 420
ggggaccaag cctgcaggga gatctggctg tctctggtga catcaaagtc cctaaagtat 480
55 ccgtaggagc tctgatcta agcttgagg catccgaagg cagcattaaa cttcccaaaa 540
tgaagctgcc ccaatttggc atctctactc cggggtccga cttgcacgtc aatgccaagg 600
ggccacaggt ttctggcgaa ctgaaggggc cagggtgtga tgtgaacctg aaagggcctc 660

```

```

ggatttcagc accgaatgtg gactttaact tggaaggacc aaaagtgaag gggagccttg 720
gggccactgg tgagatcaaa ggcccactg tggaggagg tcttcaggc attggtgttc 780
aaggcctaga aggaaacctc cagatgcctg gaattaagtc ctctggatgt gatgtgaacc 840
tgccaggcgt gaatgtgaaa ctcccaactg ggcagatttc tgggcctgaa atcaaaagtg 900
5 gtctgaaagg ttcagaagta gggttccatg gggctgctcc tgatatcagt gtgaaggggc 960
ctgcctttaa tatggcatct cctgagtcag attttggcat caacttgaag ggcccaaaaa1020
tcaaaggagg tgcggatgtt tcagggggtg tcagtgtccc agacatcagc cttggtgaag1080
ggcatttgag tgttaaaggt tccgggggtg agtggaaagg accccaagtc tcctctgtct1140
tcaacttgga cacatctaag tttgctgggg gccttcattt ctcaggacca aaggtggaag1200
10 gaggtgtgaa aggaggtcag attggactcc aggtcctctg gctgagtgtg tctgggcctc1260
aaggctcatt ggaaagtgga tctggaaaag taacattccc taaaatgaag atcccaaat1320
ttaccttctc tggccgtgag ctggttgcca gagaaatggg ggtggatgtt cacttcccta1380
aagcagaggc cagcatccaa gctgtgtcgt gagacggcga gtgggaagag tctgaagtc1440
aactgaaaaa gtccaagatc aaaatgcccc agtttaattt ttccaaacct aaagggaag1500
15 gtggtgtcac tggctacca gaagcatcaa tttctgggtc caaagggtgac ctgaaaagt1560
caaaggccag cctgggctct ctggaaggag aggcagaggc cgaagcctct tcaccgaaag1620
gcaaattctc cttattttaa agtaagaagc cacggcaccg ctcaaattca ttcagtgtat1680
aaagagagtt ctctggacct tccaccccca cggggacgct ggagtttgaa ggtggggaag1740
tgtctctgga aggtgggaaa gttaaaggga aacacgggaa gctgaaattc ggtaccttt1800
20 gtggattggg gtcaaaagac aaagggtcatt atgaggtgac tgggagcgat gatgagacag1860
gcaagttaca ggggagtggt gtgtccctgg cctctaagaa gtcccactg tctcctctt1920
ctagcaatga cagtgggaat aaggttgcca tccagcttcc cgaggtggag ctgtcagtt1980
ccacaaagaa agagtagcag gcctttgtag aacaaaacat cagccttggg tgggtgtgtt2040
ctatataaac tccaaaggga aacacaccga ctgcctcagc aatcatgcaa agaccttgc2100
25 tggcccggtg gcaagcgctg aaaaaccgac cgctgttagg ctcctggaac tatacagata2160
ggtaaaagat tccaagttcg tccagcccat gtgcaaagtc aacagtattt gccttaagat2220
ttcatatata tatatttttt tgcattgact gctgagagct cctgtttact aagcaagctt2280
ttgtgtttat tatcctcatt tttactgaac attgttagtt ttggggtaat ggaaaccac2340
tttttcattg taatgacttt gggggctttt gttagtaagg gtgggtgggg tgatgggtt2400
30 cagacggagg tcaggtcttc ctctttcctg agactggatc tgttcaaaca gcaaacgccc2460
acagatggcc cagaggtggg ggtagtcagg gtgtgtgggt gtttttaggg ttctttagtg2520
ttgtttcttt caccagggg tgggtgtccc agccagtttg gtgctgacgg tgagaggaaa2580
ttagaatctg ttgcaaat gtccaaccca cccctcaac atgaggggct tccattttct2640
gtgttttgta agggaactgt ttccttcctg ccgcatgtt cctgatatta gttctgattt2700
35 ctttttaaca aatgttatca tgattaagaa aatttccagc actttaatgg ccaattaaact2760
gagaatgtaa gaaaattgat gctgtacaag gcaaataaag ctgtttatta accttgaaaa2820
aaaaaaaaa aagggaggga ggggggggag gggggagggg gggggggggg aggggggggg2880
agggagggaa agggggggcg gggagg 2906

```

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2367 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:



(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 153

5  
gcctcccgcc cgcgcgctct gtctccctct ctccacaaac tgcccaggag tgagtagctg 60  
ctttcggtcc gccggacaca cgggacagat agacgtgctg acggcccacc accccagccc 120  
gccaaactagt cagcctgcgc ctggcgctc cctctccag gtccatccgc catgtggccc 180  
ctgtggcgcc tcgtgtctct gctggccctg agccaggccc tgccctttga gcagagaggc 240  
10 ttctgggact tcacctgga cgatgggcca ttcatgatga acgatgagga agcttcgggc 300  
gctgacacct cgggcgtcct ggaccgggac tctgtcacac ccacctacag cgccatgtgt 360  
cctttcggtc gccactgcca cctgcgggtg gttcagtgtt ccgacctggg tctgaagtct 420  
gtgccc aaag agatctcccc tgacaccacg ctgctggacc tgacagaaca cgacatctcc 480  
gagctccgca aggatgactt caagggtctc cagcacctct acgcccctgt cctggtgaac 540  
15 aacaagatct ccaagatcca tgagaaggcc ttcagcccac tgcggaagct gcagaagctc 600  
tacatctcca agaaccacct ggtggagatc ccgcccaccc taccagctc cctggtggag 660  
ctccgcatcc acgacaaccg catccgcaag gtgccc aaag gagtggtcag tgggctccgg 720  
aacatgaact gcatcgagat gggcgggaac ccaactggaga acagtggctt tgaacctgga 780  
gccttcgatg gcctgaagct caactacctg cgcactctcag aggccaagct gactggcatc 840  
20 cccaaagacc tccctgagac cctgaatgaa ctccacctag accacaaca aatccaggcc 900  
atcgaaactg aggacctgct tcgtactctc aagctgtaca ggctgggcct aggccacaac 960  
cagatcagga tgatcgagaa cgggagcctg agcttcctgc ccacctccg ggagctccac1020  
ttggacaaca acaagttggc cagggtgccc tcagggtctc cagacctcaa gctcctccag1080  
gtggtctatc tgcactccaa caacatcacc aaagtgggtg tcaacgactt ctgtcccatg1140  
25 ggcttcgggg tgaagcgggc ctactacaac ggcatcagcc tcttcaaca ccccggtccc1200  
tactgggagg tgcagccggc cactttccgc tgcgtcactg accgctggc catccagttt1260  
ggcaactaca aaaagtagag gcagctgcag ccaccgcggg gcctcagtgg ggtctctgg1320  
ggaacacagc cagacatcct gatggggagg cagagccagg aagctaagcc agggcccagc1380  
tgctccaac ccagcccccc acctcgggtc cctgacccca gctcgatgcc ccatcaccgc1440  
30 ctctccctgg ctcccaaggg tgcaggtggg cgcaaggccc ggcccccatc acatgttccc1500  
ttggcctcag agctgccccct gctctccac cagagccacc cagaggcacc ccatgaagct1560  
tttttctcgt tcaactccaa acccaagtgt ccaaggctcc agtcctagga gaacagtccc1620  
tgggtcagca gccaggaggc ggtccataag aatggggaca gtgggctctg ccagggtcgc1680  
cgcacctgtc cagacacaca tgttctgttc ctctctctca tgcatttcca gcctttcaac1740  
35 cctccccgac tctgcggctc cctcagccc ccttgcaagt tcatggcctg tccctccaag1800  
accctgtctc cactggccct tcgaccagtc ctcccttctg ttctctcttt ccccgctctt1860  
cctctctctc tctgtgtgtg tgtcgtgtgt gtgtgtgtgt gtgtgtgtgt gtcttgtgt1920  
tcctcagacc tttctcgttt ctgagcttgg tggcctgttc cctccatctc tccgaacctg1980  
gcttcgcctg tccctttcac tccacacct ctggccttct gccttgagct gggactgctt2040  
40 totgtctgtc cggcctgcac ccagcccctg ccacacaaac cccagggaca gcggtctccc2100  
cagcctgccc tgctcaggcc ttgcccccaa acctgtactg tcccgaggga ggttgggagg2160  
tggaggccca gcatcccgcg cagatgacac catcaaccgc cagagtccca gacaccggtt2220  
ttctagaag cccctcacc ccaactggcc actggtggct aggtctcccc ttatccttct2280  
ggtccagcgc aaggaggggc tgcttctgag gtcggtggct gtctttccat taaagaaaca2340  
45 ccgtgcaacg tgaaaaaaa aaaaaaa 2367

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
50 (A) LÄNGE: 1314 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154

```
cacacacctg cacatactca tgcattgcaca tgtacacacg cagtcacaca tgcactcacg 60
cagttgcaca cacacgcatg ctcaactcca cactgtgtgc actcaggtgg ctgtgttggg 120
cagttggggc cagggctccc ctgctgtcct gtggggcggg catctgctct ccttctttct 180
15 cccaggtac ttctactccc gaaggattga catcaccctg tcgtcagtca agtgcttcca 240
caagctggcc tctgcctatg gggccaggca gctgcagggc tactgcgcaa gcctctttgc 300
cctcctctc ccccaggacc cctcgttcca gatgccctg gacctgtatg cctatgcagt 360
ggccacaggg gacgccctgc tggagaagct ctgcctacag ttctggcct ggaacttcca 420
ggccttgacg caggccgagg cctggcccag tgtcccaca gacctgtctc aactgtgtct 480
20 gcccaggagc gacctggcgg tgcccagcga gctggcccta ctgaaggccg tggacacctg 540
gagctggggg gagcgtgcct cccatgagga ggtggagggc ttggtggaga agatccgctt 600
ccccatgatg ctccctgagg agctctttga gctgcagttc aacctgtccc tgtactggag 660
ccacgaggcc ctgttccaga agaagactct gcaggccctg gaattccaca ctgtgccctt 720
ccagttgctg gcccgttaca aaggcctgaa cctcaccgag gatacctaca agccccggat 780
25 ttacacctcg cccacctgga gtgcctttgt gacagacagt tcctggagtg cacggaagtc 840
acaactggtc tatcagtcca gacgggggcc ttggtcaaaa tattcttctg attacttcca 900
agccccctct gactacagat actaccctta ccagtccttc cagactccac aacaccccag 960
cttctctctc caggacaaga ggggtgcctg gtccctggtc tacctcccca ccatccagag 1020
ctgctggaac tacggcttct cctgctctc ggacgagctc cctgtcctgg gcctcaccaal080
30 gtctggcggc tcagatcgca ccattgccta cgaaaacaaa gccctgatgc tctgcgaagg1140
gctcttcgtg gcagacgtca ccgatttcca gggctggaag gctgcgattc ccagtgcct1200
ggacaccaac agctogaaga gaacctctc ctccctctgc cccggcagag cttttcaaac1260
gggctttccg caacgggtca atccgcgcct ttctaacttg aaaaacttct tcag 1314
```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 965 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155

```

5 cctcccaaag gaactcccca atactagaac tcattccaaa ccccttgac ttcaacaaat 60
  taacgaaccc attccccaac ccacaatacc ccaccctoca acaacctaaa acaacgactt120
  catgctcccg tgcccaaaac gcacagacct tcaacctgga cggctccctg atctatgaaa180
  gactcccatc gtcttgcaat cgggtctcac cagcgtgcgg cagaaaatcg agaaggagga240
  tgacagtga ggcgaggaga gtgaggagga ggaagagggc gaggaggaag gctccgaatc300
  cgaatctcgg tccgtcaaag tgaagatcaa gcttggccgg aaggagaagg cacaggaccg360
10 gctgaagggc ggccggcggc ggccgagccg agggctccga gccaaagccg tcgtgagtga420
  cgatgacagt gaggaggaac aagaggagga ccgctcagga agtggcagcg aagaagactg480
  agccccgaca ttccagtctc gaccccgagc ccctcgttcc agagctgaga tggcataggc540
  cttagcagta acgggtagca gcagatgtag tttcagactt ggagtaaaac tgtataaaca600
  aaagaatctt ccatatttat acagcagaga agctgttaga ctgtttgtga ctggccctgt660
15 cctggcatca gtagcatctg taacagcatt aactgtctta aagagagaga gagagaattc720
  cgaattgggg aacacacgat acctgttttt cttttccggt gctggcagta ctgttgccgc780
  gcagtttgga gtcactgtag ttaagtgtgg atgcatgtgc gtcaccgtcc actcctccta840
  ctgtatttta ttggacaggt cagactcgcc gggggcccg cgagggtatg tcagtgtcac900
  tggatgtcaa acagtaataa attaaaccaa caacaaaacg caaaaaaaaa aaaccaaggg960
20 cgaga

```

965

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 3101 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

40

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156

```

45 ctgcgcggc acacaggag cagcgagcac gcgtttcccg caaccgata ccacgggaca 60
  ggattttctc gctcagccc aacggggagg gctagtgtga catagtatt tagatgaaag 120
  agctattgaa gctttaaaag aattcaatga agacgggtga ttggcagttc ttcaacagtt 180
  taaagacagt gatctctctc atgttcagaa caaaagtgcc tttttatgtg gagtcatgaa 240
50 gacttacagg cagagagaaa aacaagggac caaagtagca gattctagta aaggaccaga 300
  tgaggcaaaa attaaggcac tcttggaagg aacaggctac acacttgatg tgaccactgg 360
  acagaggaag tatggaggac cacctccaga ttccgtttat tcaggtcagc agccttctgt 420
  tggcactgag atattttgtg gaaagatccc aagagatcta tttgaggatg aacttggtcc 480
  attatttgag aaagctggac ctatatggga tcttcgtcta atgatggatc cactcactgg 540
55 tctcaataga ggttatgcgt ttgtcacttt ttgtacaaaa gaagcagctc aggaggctgt 600
  taaactgtat aataatcatg aaattcgttc tggaaaacat attggtgtct gcatctcagt 660
  tgccaacaat aggctttttg tgggctctat tctaagagt aaaaccaagg aacagattct 720

```

```

tgaagaattt agcaaagtaa cagagggctt tacagacgtc attttatacc accaaccgga 780
tgacaagaaa aaaaacagag gcttttgctt tcttgaatat gaagatcaca aaacagctgc 840
ccaggtaaaa gtgctgtttg tacgcaacct tgccaatact gtaacagaag agattttaga 900
aaaggcattt agtcagtttg ggaaactgga acgagtgaag aagttaaaag attatgcgtt 960
5 cattcattt gatgagcgag atgggtgctg caaggctatg gaagaaatga atggcaaga1020
cttgaggga gaaaatattg aaattgtttt tgccaagcca ccagatcaga aaaggaaaga1080
aagaaaagct cagaggcaag cagcaaaaaa tcaaattgat gacgattact actattatgg1140
tccacctcat atgccccctc caacaagagg tcgagggcgt ggaggtagag gtggttatgg1200
atatcctcca gattattatg gatatgaaga ttattatgat tattatggtt atgattacca1260
10 taactatcgt ggtggatag aagatccata ctatggttat gaagattttc aagttggagc1320
tagagggaag ggtggtagag gagcaagggg tgctgctcca tccagaggtc gtggggctgc1380
tccctccccg ggtagagccg gttattcaca gagaggaggt cctggatcag caagaggcgt1440
ctgggtgag agaggaggtg cccaacaaca aagaggccgc gggcaggga aaggggtcga1500
ggccggtcct gacctgttac aatgaagact gacttgctat gtgggattac accagaagct1560
15 tgcagtgag taatggtaag gaaatcaagc aaccttaaat atgtcggctg tataggagca1620
tattctattg cagaagacct tcctatgaag atcatggaat caaatacggg acattgaact1680
aatacttggc ctttgatatg aatttcttta acaattttct ctgcagtgc agttattaaa1740
ctaaagctac tctattttca aaatgtgttc caacagaaat ccttcataac tcctagcatg1800
gtactttaat aaagaataaa gttcttttaa aaatctgctc taagtagatt ttcccccttt1860
20 tttaaattaa ggatcccaac agtggatatt tgaatatctc tcttgaattt gtgcatttaa1920
attttattgc agtggtagat atgaatgcca ctgatggtag ccttaaatat tatttctgct1980
caccaagggt aatcatgatt gtctatatct tttttatagt gatcactttt gaattgtgtt2040
cagatatgca gtttcaggtg taatcatcag agctggtag tcaggcattc cagatagtgg2100
ttcttttcag aaccttttta aaaggggttg ttaactacct cagtagcaga ggattgaact2160
25 ataccctgtc tgtactgtac atagaaaatc tttgtagata aaagcaaggc ttgttaaata2220
tgatatgagg gtaagatttt aatataccaa atgtaacatt cttagttgcc ttttagtttca2280
gaggcttgta agacttcctc atgaccatca taacaggcct tgcttttgct gtattttgtg2340
gctgaaaaag cagccttgct tcttcagata ttgtagttat ttggatgtat aatagtttag2400
caagatgtta cttttgtaag acatcagatg ttcaaaaaag tgcacccgaa cttgtactaa2460
30 atactgcagt gtccctttat aaaaagtcag actaaaactg acaattgtac agcgaagcct2520
gacatttgga tattttgaag ttttttcata aatcatagaa attagtatat ggctgtagtt2580
tagcttttta ggtaaaagggt atgttttcatt agtgcatttc ttctgtgta tcaactgtaaa2640
catgtgaatc agctttccat ttcttatgca ggcattgata acttgtagag tagagtacaa2700
tcatttggtc tatgttttta attttctaaa gcaccttgat gacagtgaat gtccagtggt2760
35 gaagcatcct ctattgaacc accctcaaaa atttttttgc caagtcctaa gttgatagct2820
taaagtaaaa agtgaaaatt atagtttcat taggacttgg tgtaaagaaa tccccctccc2880
ccttccccaa agggatactg cagttatatc acatacccaa taggcaccac gatgaagatc2940
agagcttata cttaattaag gttttatata caccagttcc ccagtaaatg caaatttaac3000
aagaaaatca gacatgtcat atgttcaaaa tgctcatggc aaacaatcat tttgcattcc3060
40 tgcaataaaa attgttttat actgtaaaac aaaaaaaaaa a
3101

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 983 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157

cgggcgggag cggcgggtcca gactggggag ggacgcgcac cggccaggag gcttcaagag 60  
 gagggcacta gggccctgcg agcggcggtct taaccggcgg cgctaggact ccgcgggaaa120  
 10 cggcgggggc ggacgggagg caccaggacc caggggaacc gcgacgggag ggcggcgagc180  
 agggccggga gccgggaggt gcgggcggcg gcgctggacc cgacgcggcg agagaggccc240  
 cgagatgccg agcaagaaga agaagtacaa cgcgcgggttc ccgcggcgcg ggatcaagaa300  
 gatcatgcag acggacgaag agattgggaa ggtggcggcg gcggtgcctg tcatcatctc360  
 ccgggcgctc gagctcttcc tagagtgcgt gttgaagaag gcctgccagg tgaccagtc420  
 15 gcggaacgga aagaccatga ccacatccca cctgaagcag tgcacgagc tggagcagca480  
 gtttgacttc ttgaaggacc tgggtggcatc tgttcccgac atgcagggg acggggaaga540  
 caaccacatg gatggggaca agggcgcccg cagggccgga agccaggcag cggcggccgg600  
 aagaacggtg ggatgggaac gaaaagcaag gacaagaagc tgtccgggac agactcggag660  
 caggaggatg aatctgagga cacagatact gatggggaaag aggagacatc acaaccccc720  
 20 cccaggcca gccaccctc tgcccactt cagagcccc cgacaccctt cctgcccttc780  
 gcctctactc tgcctttgcc ccagcgccc ccgggcccc cagcacctga tgaagaggac840  
 gaagaagatt acgactccta gcgccttctg cccccagac catagccct tttagttggt900  
 tttagttgct ctggggggag gagagaaggt agagctgttc ttaaatttat taaaaaaaa960  
 aataaaaggg aaaaaaaaaaaa aaa 983

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

FIDSYRCFQP KQEGAFTCWS AVTGARHLNY GSRLDYTLGD RTLVIDTFQA SFLLEPEVMGS 60  
 45 DHCPVGAVLS VSSVPAKQCP PLCTRFLPEF AGTQLKILRF LVPLEQSPVL EQSTLQHNNQ120  
 TRVQTCQNKQ QVRSTRPQPS QVGSSRGQKN LKSYFQPSPS CPQASPDIEL PSLPLMSALM180  
 TPKTPEEKAV AKVVKGQAKT SEAKDEKELR TSFWKSVLAG PLRTPLCGGH REPCVMRTVK240  
 KPGPNLGRRF YMCARPRGPP TDPSSRCNSS SGAGPAEPME AWGHLAWSPL HMI 293

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

55

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

ETLREKQEAA QGRGAGLRSC AGVTMPDVPR PPLVQLGLLQ RKNCTGRRGQ WEDPGAWHTC 60  
RSGGPSWVLA SSQYASHMAP CGPHRGVCAR APPAQTSRMR SVTPSHLWLL KSWPAPSPLW120  
15 PLPSLLESSG S 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

35 KRRPKLGPGF FTVRITHGSL WPPQRGVRKG PASTDFQNEV RNSFSSLASE VLACPFETTLA60  
TAFSSGVFGV MRALISGRLG SSMSGGEAWGQ LGEG 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

40

(A) LÄNGE: 136 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

5 LHQLAAQRLY LRPVRVGAWA LSLPGERRAE ISNQWSALVT WIPEGREGST VSSAADCCSK 60  
NVFSTSFESP SHGNPSTPTR DPTPAVSRI S STCTSRDPND SCTNEHYGSC SNCLSTHCY120  
GWKAFGRKKG SSRLKG 136

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

10 (A) LÄNGE: 281 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

25 PGSQKVAKAV PFPQRRTA AV RMSFPPHLNR PPMGIPALPP GIPPPQFPGE PPPVPPGTPM 60  
IPVPM SIMAP APTVLVPTVS MVGKHLGARK DHPGLKAKEN DENGPTTTV FVGNISEKAS120  
DMLIRQLLAK CGLVLSWKRV QGASGKLQAF GFCEYKEPES TLRALRLLHD LQIGEKLLV180  
KVDAKTKAQL DEWKAKKKAS NGNARPETVT NDDEEALDEE TKRRDQMIKG AIEVLIREYS240  
30 SELNAPSQES DSHPPQEEEEG KEGGHFPQIS SGPTDPLSTH H 281

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

35 (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

50 CSLVQESLGS LEVQVEEILE TAGVGS LVGV LGFPWEGDSN EVEKTFLQ SAAEETVLPS 60  
RPSGIQV TSA LHWFEISARR SPGRLSAQAP TRTGRKYSRC AAS 103

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

(A) LÄNGE: 127 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 1:

NISLLDHPGL QSCLYFLFWI LFTNRERYIS AWKWPDVWKL DIWHFGLHSH GYYSHNKDGS 60  
GNSFLDLDP SRYLGIYYIL FCIFLVLWRD SLAIFGLPEY VFCVYSAPVK WECLVCHNPH120  
GCYMSIS 127

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

(A) LÄNGE: 382 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
25 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

40 HEVLCCRMALP LQKAKVIRLI KISPEKPITL AVGDGANDVS MIQEAHVGIG IMGKEGRQAA 60  
RNSDYAIARF KFLSKLLFVH GHFYIIRIAT LVQYFFYKNV CFITPQFLYQ FYCLFSQQTL120  
YDSVYLTLN ICFTSLPILI YSLLEQHVDP HVLQNKPTLY RDISKNRLLS IKTFLYWTIL180  
GFSHAFFIFF GSYLLIGKDT SLLGNGQMFG NWTFGTLVFT VMVITVTIKM ALETHFWTWI240  
NHLVTWGSII FYFVFSLFYG GILWPFLGSQ NMYFVFIQLL SSGSAWFAII LMVVTCLFLD300  
I IKKVFDRHL HPTSTKAQM YSNTVALSDE FIALQPLSRA RNQLSKLSLL QMQVSSAWT360  
45 PCAVSRKEKQ RVHLLLECWN EL 382

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(A) LÄNGE: 85 Aminosäuren  
50 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF



(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

QELNKHKIHI LGAQKWPENP SIKQGKYKIK YNRSPGNEMV DPSPKMSFQS HLYCDCNNHD60  
CEDQSAKCPV SKHLAISKQR CIFPY 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

15

- (A) LÄNGE: 496 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

35 RLEKGPLPFQ MPGMRLPETQ VLPGEIDETP LSKPGHDLAS MEDKTEKWSS QPEGPLKLKA 60  
SSTDMPQSIS VVNVDQLWED SVLTVKF PKL MVRPFSFPAP SSDDVFIPT VREVQCPEAN120  
IDTALCKESP GLWGASILKA GAGVPGEQPV DLNLPLEAPP ISKVRVHIQ AOVESQEVTI180  
HSIVTPEFVD LSVPRFTSTQ IVRESEIPTS EIQTPSYGFS LLKVKIPEPH TQARVYTTMT240  
QHSRTQEGTE EAPIQATPGV DSISGDLQPD TGEFFEMISS SVNVLGQOTL TFEVPSGHL300  
ADSCSDEEPA EILEFPDDDS QEATTPLADE GRAPKDKPES KKSGLLWFWL PNIGFSSSV360  
ETGVDSKNDV QRSAPIQTQP EARPEAELPK KQEKAGWFRF PKLGFSSSPT KKSSTEDGA420  
ELEEQLQEE TITFFDARES FSPEEKEEGE LIGPVG TGLD SRVMVTS AAR TELILPEQDR480  
40 KADDESKGSG LGPNEG 496

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

- 45 (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

5

SLPASYMYWDS KSHSLKFLLA TSLQTAVQMR SQQKFLSFPL MIAKRQPHHW QMKAGLQKTN 60  
QKVKNLVCSG FGFQTLGFPL LLMRQVLIPK MTSRDLLPFK HSLRHDQRQN CLKNRRRQAG120  
SDFPN 125

## 10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

(A) LÄNGE: 130 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

MGADLWTSFL ESTPVSTEE ENPMFGSQNQ SRPDFLLSGL SFGALPSSAS GVVASWLSSG 60  
GNSRISAGSS SEQLSASWWP EGTSNVSVCC PSTLTLEEII SNGSPVSGWR SPEMESTPGV120  
ACMGASSVPS 130

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

50

VVYRGVKCFI DKKKKTALBP TYSSSSSSSS SSSSSSSSSS SSSSSSSSSS SSFFFLLFSA 60  
LTTFFFAASG FPLARYAAIS FSYSFSTSQP SFHKAACHLQ QCYSTSLPVS SQHHQWTGQD120  
VLL 123

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

- 5 (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

20 KKLYLLRSIQ NVNKTAAIFF LQLQSGIQLT EQQLSSYKLH QRQLKMKKIK PKKKTKRKKK 60  
KKQKTKLPSP YITNLCCAPT RTCFKFPCQF TTPILYQARL VAIENTTRTG LSKDTFGSVL120  
TIQKKTLYSL KTNLTQPYIS IFFFFRSELC TGGLNAL 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

- 25 (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

40 LNMKGKDPKK PRGKMSSYAF FVQTCREEHK KKHPDASVNF SEFSKKCSER WKTMSAKEKG 60  
KFEDMAKADK ARYEREMKTY IPPKGETKKK FKDPNAPKRP PSAFFLFCSE YRPKIKGEHP120  
GLSIGDVAKK LGEMWNNTAA DDKQPYEKKA AK 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

- 45 (A) LÄNGE: 281 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

10 SGSAGPGPRG PRATESGKRM DCPALPPGWK KEEVIRKSGL SAGKSDVYYF SPSGKKFRSK 60  
PQLARYLGNT VDLSSFDERT GKMMPSKLQK NKQRLRNDPL NQNGKGPDLN TTLPIRQTAS120  
IFKQPVTKVT NHPSNKVKSD PQRMNEQPRQ LFEKRLQGL SASDVTEQII KTMELPKGLQ180  
GVGPGSNDDET LLSAVASALH TSSAPITGQV SAAVEKNPAV WLNTSQPLCK AFIVTDEDIR240  
KQEERVQQVR KKLEEALMAD ILSRAADTEE MDIEMDSGDE A 281

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

IIDIIYIKNTS KKALVSAIKK LYVLGYIFFL TGKSQWKHFC SISRNELLGK VGRKLPDHIL 60  
35 RLHLHCPFQY PSLLYQQLAT RCLPSVLLPI SCVLAVLALP VS 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

IYTSKIHLKR HWLVLLKSSM CSGTFFFLQA KASGNIFVQF LGIFSWGKSV ESYLIIFLGF 60

ISTVHFNIHL FCISSSRQDV CHQCFQFLA YLLYSLFLFP DVFICDNKSF AEGLRCVKPN120  
SRVLFHSSGD LPCDWRRACV QSTGNSR 147

## 5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

- (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

ECPLGARGPW EPRHFFPLGR GARSRHPC TH GRLAPPQSPP HSQPPFHS HC PSRSPQPSLR60  
PHPHPLRAQG CNPSLSTTHR WYSWG 85  
25

## 25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

- (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
30 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

NALWGPGAPG SPATLSHLAG VPAAATPARM AGWHPPRALP TASSLSTVTA LPAVPSLPYG 60  
45 LTRTPSEPR A TP HYPPRTD GTAGAEQPHV EPERVPGARG QDAGGRMTAC PCLTSWGTTL120  
DRGIGQDP 128

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

- (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

MPFGGQGPLG APPPFPTWPG CPQPPPLHAW QAGTPPEPSP QPAAFPQSLP FPQSPAFPTA 60  
SPAPPQSPGL QPLIIHHAQM VQLGLNNHMW NQRGSQAPED KTQEAE 106

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

GNPELPWRKF QCQHSCSLWP SPTLWPEIPQ SNLEPKRTQR TLDPCNCRPS PEVGVTNSSG60  
LRHMKKLYIN PRQATNP 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

40

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

PPTHTRQVGE EIQSCHGENS SVSILAPCGP LLHSGQRYHS QTWSQKGHKG LSTQTAPDPL60  
QRLG 64

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

(A) LÄNGE: 206 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

RLSCAGTILSG SGPHPSSRRLT QGRWVRKSRV AMEKIPVSFAF LLLVALSYTL ARDTTVKPGA 60  
KKDTKDSRPK LPQTLRSGWG DQLIWTQTYE EALYKSKTSN KPLMIHHLD ECPHSQALKKI20  
VFAENKEIQK LAEQFVLLNL VYETTDKHL S PDGQYVPRIM FVDPSLTVRA DITGRYSNRL180  
YAYEPADTAL LLDNMKKALK LLKTEL 206

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

(A) LÄNGE: 206 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

RVFQEEELVR RQRNGASGPR PGLRRLRGGR RAVRRKERLL HRQLPAVHKR GARVKLSSPE 60  
RDVERDVFLY RAYLAQRKFG VVLDEIKPSS APELQAVRMF ADYLAHESRR DSIVAELDRE120  
MSRSVDVTNT TFLMAASIY LHDQNPDAAL RALHQGDSLE CTAMTVQILL KLDRLDLARK180  
ELKRMQDLDE DATLTQLKVL VSLQRV 206

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

LPRPRESEGO HRGRAGPRDE QERGRDQHHL PAHGRHLHSP RPEPGCRPAC AAPGGQPGVH 60  
SHDSADPAEA GPPGPRPEGA EENAGPGRGC HPHPAQGLGK LATGVKAQGS F 111

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

GTILPIPEIR RILELLHPLQ AYQDLELGEG GILVQVLHSL QLLPGEVQAV QLQQDLHCHG 60  
CALQAVPLVQ RTQGGIRVLV VEIDGGGHEQ EGGVGHVHAP AHLVQLGHD AVPPTLVGEV120  
40 VSKHAHGLEL RGRGGLDLIQ DHTELPLRQV RSIQEDVPLH VSLWA 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

- 45 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

LLSMRMILKP QSFMILMLR SSNRVTWKL LIGLDYIRYQ MENQKTSLLL MENSCTRLLL60  
LKLLNPLINV GKHCL 75

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

(A) LÄNGE: 340 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

RTVIDAMSAL LRLRLTGAPA AACLRLGTSA GTGSRRAMAL YHTEERGQPC SQNYRLFFKN 60  
VTGHYISPFH DIPLKVNSKE ENGIPMKKAR NDEYENLFNM IVEIPRWTNA KMEIATKEPM120  
NPIKQYVKDG KLRVYANIFP YKGYIWNYGT LPQTWEDPHE KDKSTNCFGD NDPIDVCEIG180  
SKILSCGEVI HVKILGILAL IDEGETDWKL IAINANDPEA SKFHDIDDVK KFKPGYLEAT240  
LNWFRLYKVP DGKPENQFAF NGEFKNKAF LEVIKSTHQC WKALLMKKCN GGAINCTNVQ300  
ISDSPFRCTQ EEARSLVESV SSSPNKESNE EEQVWHFLGK 340

30  
35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

LSILYILFNG IHWLLGGNLH FSICPPRYFY NHIKQILIFI ISCFLHRNAI FLFRVHLQRN 60

IMKGGNVVTS YILKEEAVIL RAGLAALLSV VQGHSTARPG PCTGFPQPAR SGWGTRAQQP120  
 QQRAHGVNDG P 131

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

5

- (A) LÄNGE: 436 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

GRGMGRVQLF EISLSHGRVV YSPGEPLAGT VRVRLGAPLP FRAIRVTCIG SCGVS NKAND 60  
 TAWVVEEGYF NSSLSLADKG SLPAGEHSFP FQFLLPATAP TSFEGPFGKI VHQVRAAIHT120  
 PRFSKDHKCS LVFYILSPLN LNSIPDIEQP NVASATKKFS YKLVKTGSVV LTASTDLRGY180  
 25 VVGQALQLHA DVENQSGKDT SPVVASLLQK VSYKAKRWIH DVRTIAEVEG AGVKAWRRAQ240  
 WHEQILVPAL PQSALPGCSL IHIDYYLQVS LKAPEATVTL PVFIGNIAVN HAPVSPRPGL300  
 GLPPGAPPLV VPSAPPQEEA EAEAAAGGPH FLDPVFLSTK SHSQRQPLLA TLSSVPGAPE360  
 PCPQDGS PAS HPLHPPLCIS TGATVPYFAE GSGGPVPTTS TLILPPEYSS WGYPEAPPS420  
 30 YEQSCGGVEP SLTPES 436

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

- (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 35 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

SVLFTGVVSP GPSSLPPPPQ PQGEEGGCRG AGRGWAGPEW ARLGQERRHE ALGAPVPGQR 60  
 50 PGLPGEGSTG SALRGQAGFH AAAALLIRRW GLIGVAPRTV LWRKNQGAGS GHWPPGALCK120  
 VGDSGTC 127

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

- (A) LÄNGE: 213 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

LVLNVGMQLQ CLPHHIAAEI SAGCEDHAAR LHQLVGELLG GRGHVGLLNV WDAVQVQGAQ 60  
 DIEHEAALVI LGKPWRVDGG PHLVHDLPER TLKGRGCSGR KQELEGEAVL SSGQAPLVCQ120  
 RQGTVEVTLL HYPRCVISLV GDPAGTYAGH PDGSRQRCP QAHAHGPSQR LPGAVDDAAV180  
 20 AQADLEELHS PHAAASPASR AATPPPAARE SRL 213

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- 25 (A) LÄNGE: 635 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
 35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

40 GGVSPWRACV QQRMEESEPE RKRARTDEVP AGGSRSEAED EDDDYVPYV PLRQRRQLLL 60  
 QKLLQRRRK G AEEEEQQDSG SEPRGDEDDI PLGPQSNVSL LDQHQLKEK AEARKESAKE120  
 KQLKEEEKIL ESVAEGRALM SVKEMAKGIT YDDPIKTSWT PPRYVLSMSE ERHERVRKKY180  
 HILVEGDGIP PPIKSFEMK FPAILRGLK KKGIIHPTPI QIQGIPTILS GRDMIGIAFT240  
 GSGKTLVFTL PVIMFCLEQE KRLPFSKREG PYGLIICPSR ELARQTHGIL EYYCRLLED300  
 45 SSPLLRALC IGGMSVKEQM ETIRHGVHMM VATPGRMLDL LQKKMVS LDI CRYLALDEAD360  
 RMIDMGFEGD IRTIFS YFKG QRQTLLFSAT MPKKIQNFAK SALVKPVTIN VGRAGAASLD420  
 VIQVEYVKE EAKMVYLLEC LQKTPPPVLI FAEKKADVDA IHEYLLKGV EAVAIHGKD480  
 QEERTKAIEA FREGKKDVLV ATDVASKGLD FPAIQHVINY DMPEEENYV HRIGRTGRSG540  
 NTGIATTFIN KACDESVLMD LKALLLEAKQ KVPPVLQVLH CGDESMLDIG GERGCAFCGG600  
 50 LGHRITDCPK LEAMQTKQVS NIGRKDYLAH SSMDF 635

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

KPSRRCRPCC RCCIAGMSPC WTLEESAAPV SAGAWVIGSL TAPNSRLCRP SRSATSVART 60  
TWPTAPWTSE PTVFPSLQEA SVPKTATSLH IQQPPGQNH FSSAGLEWAR LVLAACSLCS120  
SELLFLFPFT PAAIKAQTSS PKKKKKK 147

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
25 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

40 DILLALPECL DGLSPFLLVF APMDGYGLNP LEQQVLVDGV HVCLLLCKDE YRRGCLLQAL 60  
EQVHHGLLLL HIFYLLDDIQ AGSPSAPHID GHRLYKGTLS KVLNLLRHGG TEEQGLSLAL120  
EVGEDGTDVT LEAHVDHAVS LVQQQVATDV 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194

45 (A) LÄNGE: 310 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

10 EAPAAARTQS PAAAAQRGDN VYVVEVLQT QKEVEVTRTH KREGSGRFSL PGATCLQEG 60  
QGHLSQKKT V TIPSGSTLAF RVAQLVIDSD LDVLLFPDKK QRTFQPPATG HKRSTSEGAW120  
PQLPSGLSMM RCLHNFLTDG VPAEGAFTED FQGLRAEVET ISKELELLDR ELCOLLLEGL180  
EGVLRDQLAL RALEEAEQGS QSLGPVEPLD GPAGAVLECL VLSSGMLVPE LAIPVVYLLG240  
ALTMLSETQH KLLAEALESQ TLLGPLELVG SLLEQSAPWQ ERRPCPCPPG SWGTAGAKEH300  
15 RPGSCWTSVA 310

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
20 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

35 TTGIASSGTS IPEDNTRHSR TAPAGPSRGS TGPRLWPCSS ASSKARRASW SRSTPSRPSS 60  
SSWHSSLSKS SSSLEMVSTS ARRPWKSSVN APSAGTPSVR KLWRHLIMER PEGSCGQAPS120  
LVERLWPVAG GWKVLCLSG KRRTSKSESI TSWATRNARV LPEGMVTVFF WLRWPWPSPC180  
KHAVAPGRENR PEPSRLWVRV TSTSFVCVST SVTTYTLSPR CAAAAGLCVL AAAGASHGAE240  
SARC 244

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196

(A) LÄNGE: 229 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

5

TGHMATGLLA FLGLAAGGQT LCPAGELPGH ARAQASGAPG SVLIAVPGRR RVHTCGPGPA 60  
APSTRGECPP PALGHTRPAR PRPVLLRPSC SPGARGAGTW SALLPRGTLL QEAAHQLEP120  
QQGLRLQRLR QQLVLRFTQH GQCPQQVDNR DSEFRHQHSG GQHQALQDST CWTVQGLHRP180  
KALALLQRL L QGSQGLVPQ HPLQALQQQL AQLSVQKLQF LGDGLHLCF 229

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

TEILPVFVRL AGVPICSTGN ASAMLQPQKP GLSLQQQAEP CLWSGAVHSS VCLVLGLELD60  
30 RGGVSSPSLN SEQTLCLAPV CPGNSPGPHW EPLVF 95

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

AVPRGSLRED GKVRCSNLL MAGSPLCPLS LALVIAELCA QCCGLAVARL FLWGARAGCG 60  
50 NQSSQTDVSQ AEDSFLAEVS PHLQVSGWGG ARRGRHTPCL T 101

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199

- 5 (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

20 VRHTSHLAVL TQGAPGHCSC AAWALLLRTP RAPNEGLGNC LGTLGPGTGS VLNSGKVKRP 60  
HLYPAQAEQ GRQSCGQHPT TDTVLPAGV RGLVSEAAW HWHCLCYRWG LLRVSQIQGE120  
EQFTQPKGPV CRAALTRAQQ HSTELGKGRG ERVKD 155

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200

- 25 (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

RMKCSQPPRC HFQSDFFQKCA PCPRAQTHWL EPPGRVQTIS SMRNAQKGFA DSIRLWRLPA 60  
SGVGWVVSPP IQTQEVAP EG MYLVGSSSGT LGGCRALTQV FLSLSSLGCV CACACACLCF120  
45 SLWAHQDAPR RACARVPT 138

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201

- 50 (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

15

VHGREARLGT LAGTAALKPA LLSGYQTFKG QDVLRRVPVA ARRPAACPR VTAWRCWGS 60  
HLPCLCQEG EAFEEASVLA ARSLSQPLPG SCTGQGLIPC HAGPLEQVGW GWYVLSPPW120  
QPCPLGKVIS DL 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202

20

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

35

RLFIGCSLQN KQRWDWGPSL GPCTPLSRAY NHVHRPGRGP ALCPTKSSLH QSSWSPPLRD 60  
PAQLPRSWG I GTRVPWRVQE MRRIPCTLR TTPPELWSRG HCERRQERH VEDTLTDPVG120  
SGRAEDRHTK P 131

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:



## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

5

LAAIKDQLEG VQQALSQAAP IPEEDTDTEE GDDFELLDQS ELDQIESELG LTQDQEAQAQ60  
QNKKSSGFLS NLLGGH 76

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204

10

- (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

RVCSKHFLRL PPSQKRTQTL KKVM TLNYLT SQSWIKLRVN WDLHKTRKQK HSKIRSLQVS 60  
FQICWEAINL GISLQQSTKN TKKISNKKKK KKRKRKKLNC KL 102

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

ICLHHNHCLC DTQLLAFYGL IPPTARLEMA VNGACFFTNK PKSTTAEITW KRFSLSRVLK60  
YTFKFFPKKL ILIVFPKSFN 80

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

GKPAALEAHQ GSRLQGRSRE QAAIPPLLSS RTQLCGLGFL FAGLAPCRTL VLELEGPILP60  
RGDSQGCRGI GWRRVL 76

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

NLRVSQLPWK PTRAPDCREE AGSRQPYLHS CPQGLSCVAL DFFLRDLRPA GHWCWSWRVL60  
SCPGVTPRVA GG 72

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

10 PGMSSLQDRH GRTIWFQVGP YCSHRQRPQE ADGWKRGVTI TGVVMLRVCL DPPRTTLFLR60  
VTPLPSHASQ GCS 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209

(A) LÄNGE: 182 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

30 QRWLWTSSTS PCWIRAFLEPP AGQVWPCSLG RAPAPLTTLQ LTMQLMPKLW CPVCSSPGSH 60  
CHLQRGSLLR PTLHLAPPW LLAWPNLAF AMLELELLF FRGGNRVESG KGLAPKCCC120  
GFFAFSKDAL PGPKLQTAVL SKQVRSLGFG AHLGSGSISI LLLATSGQRP PQPHIARCWQ180  
KG 182

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210

(A) LÄNGE: 130 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

VGPGKQPPWG QVKQCGSQQG TPLKVAVAPR AAAHWTPQLW HQLHGELQSG QRGWGPAKRA 60  
 RPDLPSSGRQE GPDPARSRG SPQPPLLLIA TGTSGDRLCS WESRSPGFVG LPAGDRHVSH120  
 RERPGRPQL 130

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

VTGKGRDPGL SCSSSWKRWs RTVTIHADTE QQYETEQLRA VSSSAEAAWA ATPPFCNHFM 60  
 MSPPHLTSRW GWMAEQMKPA LWRGSLTEMH TFMGEVDGHL TSLMFHTVDC T 111

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212

(A) LÄNGE: 243 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

DVQVAGPEPD CRVHSHVLPQ QAHRLAPGPY SVGESLQPRE GCEDCDRQKA NLRIRFKPSL 60  
 FQHVGTSSSL AGKIQKLKDK DFGKQALRKE HVNPPAEVST SLKTYQHFTL EKAYLREDDFF120  
 WAFTPAAGDF IRFRFFQPLR LERFFFRSGN IEHPEDKLFN TSVEVLPPDN PQSDKEALQE180  
 GRTATLRYPR SPDGYLQIGS FYKGVAEGEV DPAFGPLEAL RLSIQTDSPV WVILSEIFLK240  
 KAD 243

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213

50

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

15

GRTGVSVMVG IPSVRREVHS YLTDTHLSLI SELSPQEKED SVIVVLIAET DSQYTSVTE 60  
 NIKALFPTEI HSGLLEVIS PPHFYPDFSR LRESFGDPKE RVRWRKQNL DYCFLMMYAQ120  
 SKGIYYVQLE DDIVAKPNYL STMKNFALQQ PSEDWMILEF SQLGFIGKMF KSLDLSLIVE180  
 FILMFYRDKP IDWLLDHILW VKVCNPEKDA KTVTGRKPTC GSASNRPSST TWALTPRWLA240  
 RSRN 244

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214

25 (A) LÄNGE: 210 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

40

PAESQPADPL QTVPLPARGH SLLAGWQDPE TEGQRLWKAG AAEGACEPAS RGEHEPEDIP 60  
 ALHPGESLPA RGLLLGLHPC RGGLHPLPLL PTSKTGAVLL PQWEHRAPGG QALQHVCGGA120  
 ALRQPSVRQG GPAGGPHRHP PVPSEPRRLP PDRLLLQGS RGRGGPSLRP SGSTAPLDPD180  
 GLPCVGDSE DLPEKGR LSC GLLRVPCGQP 210

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

GGAGLVHGSA DWPC LAPWRV SSCFLPGTEL RGLGAPGAKS RLWCRGGGLS LNRHPEVLLR 60  
CWVHPEWHGE QLWPVLLPRP VLGKLSSGPS LQRPRMGVWV GTHGEWPEEL RVKRAPVCWL120  
QRPGAPLS 128

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

FPQDWPRKEH RPQLLPVPLR VDPASQEHLR VSVKRQASTP APEPALSSRC PQTPQLCARQ 60  
EAARHTPGRQ ARPVRGPMDB PSPASGKTGP FPTGHAPELW QIAGAIVWGE FNKSPFENEK120  
KKKK 124

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217

40

(A) LÄNGE: 142 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

5 VPHTHPILGL CKEGPELSFP RTGLGRSTGH SCSPCHSGWT QHLRSTSGCR LRDRPPPLHQ 60  
SLLLAPGAPR PRSSVPGKKQ LDTRQGAHKG QSADPWTSPA PPQKGQGLSL QDTPQSCGRL120  
QEPSCGENLI KALLMKKKKK KK 142

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218

10

- (A) LÄNGE: 379 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

RRGLEGFNGG WTEPGILWM EPTQPPDFAL AYRPSFPEDR EPQIPYPEPT WPPPLSAPRV 60  
PYHSSVLSVT RPVVVSATHP TLPSAHQPPV IPATHPALSR DHQIPVIAAN YPDLPAYQP120  
GILSVSHSAQ PPAHQPPMIS TKYPELFPAH QSPMFPDTRV AGTQTTTHLP GIPPNHAPLV180  
30 TTLGAQRPPQ APDALVLRTO ATQLPIIPTA QPSLTTSRS PVSPAQISV PAATQPAALP240  
TLLPSQSPTN QTSPISPETHP HSKAPQIPRE DGSPKLLALW LPSPAPTAAP TALGEAGLAE300  
HSQRDDRLL VALLVPTCVF LVVLLALGIV YCTRCGPHAP NKRTDCYRW VIHAGSKSPT360  
EPMPPRGSLLT GVQTCRTSV 379

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219

- (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 40 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

5 VDTDECQIAG VCQQMCVNYV GGFECYCSEG HELEADGISC SPAGAMGAQG SQDLGDELLD 60  
DGEDEEDEDE AWKASTVAGR RCLGSCGWSL RSRLTLPWPI DRASQRTESH RYPTRSPPGH120  
PRSVPPGSPT TPQCSPSPGL WWSLPRIPHC LLPTSLL 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220

(A) LÄNGE: 211 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

25 PPPPGPLCLL PIKSLCLLPP SPQSPPPSCP LRAPLTRPHP SALHIPIKP PKSQGKMAPV 60  
PSWPCCGCPHQ LPQQPQQPWG RLVLPSTARG MTGGCWWHSW CQRVSFWWSC LHWASCTAPA120  
VAPMHPTSAS LTAIAGSSML GARAQQNPPC PGAASQGC RP AEPACDGVQT PLMEYGALDT180  
WPGLHQGPMG AAQLDRWLPA PQAQPGSSLN H 211

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221

30

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

LGEPQISGAQ PGRVWGQLCQ STSQAHPPLPG MPWDHGQGR L WGSETPLLST PSQNTLRVSG 60  
LWREWGRKN WHPREGDER FALILREASE KCFKVCVMRQ AVSGGLSSP LPPSFPK 117

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222



- (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

NKELSSLKSS DVVMTHTESC ITVASRATHL FGLSDGHSFT TQQQTPHTGT RMSASTWEAV 60  
AEPGRWPGPD HGLSGAGHQG VRVPMLPQGV GMTGRSLVTR QWTSLGEGWR ERAGQAPAAH120  
RLAHANTLKA LLGGFSENQG EALVSFPRKV PILPPAPLSP EPRDPQGVLA GGAKQRCCLRP180  
20 PEPSLPMIPR HARQGVGL 198

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223

- (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

40 SHGMPGRGWA CEVDWHSCPH TLPGWAPFIW GSPSQHGVLG ACPGPFTRTE APHPLSHFSR60  
WKTQRRKRPW GGVPSCLQLA PWVPLCGGSP DSISSASE 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224

- (A) LÄNGE: 298 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

10 ATRRRAAEAG MAAVLQRVER LSNRVVRVLG CNPGPMTLQG TNYTLVGTGP RRILIDTGEP 60  
AIPEYISCLK QALTEFNTAI QEIVVTHWHR DHSGGIGDIC KSINNDTTYC IKKLPRNPQR120  
EEIIGNGEQQ YVYLKGDGVI KTEGATLRVL YTPGHTDDHM ALLLEENAI FSGDCILGEG180  
TTVFEDLYDY MNSLKELLKI KADIYPGHG PVIHNAEAKI QQYISHRNIR EQQILTLFRE240  
15 NFEKSFTVME LVKIIYKNTN ENLHEMAKHN LLLHLKKLEK EGKIFSNTDP DKKWKAHL 298

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

35 GFSWGRSPLG RCWCLGGSWD PGYSPHARL DWTAARRAAV QQPFPPQPPA GVSPIWIL 58

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren

40 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

SGSLSLNHIS IFQINILLLS ISYNFFSLRI PWEFFNAIGS VIIDAFTNIS YASRMISVPV60  
SHYNFLDCCV KFS 73

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227

- (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

AFLLRPSVTA STRLLPVCAS PRSSPGPSPA QQQQAWQQAW SSARAPSRRCR ARPSSSERPC 60  
PAVGRLASLY CCCMVFASPP RPGRITVWHCT GWPRLATGLW PLTCQVWGTP RKQQPLPLLG120  
SWPLAASWRL WWMPWSWAPR L 141

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228

30

- (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

VPPPALGHRQ HAPASRLRES TQLPRPFTST AAAGMAASVE QREGTIQVQG QALFFREALP 60  
GSGQARFSVL LLHGIRFSSE TWQNLGTLHR LAQAGYRAVA IDLPGLGHSK EAAAPAPIGE120  
LAPGSFLAAV VDALELGPPV VISPSLSGMY SLPFLTAPGS QLPGFVPVAP ICTDKINAAN180  
YASVKTPALI VYGDQDPMGQ TSFEHLKQLP NHRVLIMKGA GHPCYLDKPE EWHTGLLDFL240  
QGLQ 244

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

WTDHNRGAQL QGIHHSRQEA ARGQLPNRGR GCCFLGVPQT WQVNGHSPVA SLGQPVQCTQ 60  
VLPGLGGEAN TMQQYREAS LPTAGQGLSE EEGLALHLDG ALALLHACCH ACCCCAGEGP120  
GELRGLAQTG SRRVLAVTEG RRRN 144

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230

- (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

LEFFIPCLGS VNEACLFPGV SFHGLYFSSS SGSFAGSSLW KLHERWLGLG FAGVYSRVKA 60  
EWDLRPRLGT TQAEKGRFHH SQCPHSTTS ARAPPSLLPH PAIVRGATVG RRVPRRGLFL120  
LPVPEKAFPL LKFKH 135

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

GGPVCWEPQV TPFSSYSVPG ASCPPLQILG KENVYVAGYC MVTSEGRPLG THLPTAAQAR60  
AQAHLLVLRP QIKPSPHMA SDRFLPSRKF CGCAVL 96

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

CCGEGTVNDG NVPSQPGSCL TWVSNPTLPS PWSTLQRSRG PANAREVSTE KSLQNSHWKR60  
RNKGHGKKPQ GRDRPRSQTL GRE 83

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

ASPASLAQAT SRQPAPSPRA RSHLATSTSW TSSARSDAGC GECRRDPGAP PR

52

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

LGSAWQQLRR PEASETLRLV GTHRPRQRAL PRQRVASPPP RRGGLTSPP VRLGQVVPGL60  
MPGVVSAAGT QVRRLEVPFA SLRLQHHLQL REGL

94

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

ARPSRSWRWC CSRSDAGTSS RRRTWVPAAL TTPGIRPGTT CPRRTGGEVR PSRRGGGLA60  
TRCLGKARWR GLCVPTSRRV SDASGRRSCC QAEPR

95

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236

(A) LÄNGE: 174 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

50

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

15 APTNTRSSSK FATSGSPGYP IASSGASPEV RQRRTTFFRF RPPGESLCGDM KLLTHNLLSS 60  
HVRGVGSRGF PLRLQATEVR ICPVEFNPNF VARMIPKVEW SAFLEAADNL RLIQVPKGPV120  
EGYEENEEFL RTMHHLLEEV EVIEGTLQCP ESGRMFPISR GIPNMLLSEE ETES 174

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237

20 (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

35 YRAQKHCVWC HWVKGWGYTR QNSETGYRST KIHSHNKKNW RLAQSTLSFL FTQQHVGDPA 60  
ADGEHTSRFR ALQALYHFH LQQQVVHGPQ KLLILLISLN RPFRLDQTQ VIGRLQERRP120  
LHFRYHTRHE VGVEFHRADT DLGGLEAQGE ATGPHPPHMR AQQIVGKQFH VAAQTLARPE180  
40 PEKGRPPLPH FRGCSTRCYW IARRTGSGEL AGTSRVCSS FLYAN 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238

(A) LÄNGE: 209 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

TFNEKKIYNT ELKNTVFGVI GSRVGDTHGR IRKQGIDQQK YTVITRKTGA WHNQLSVSSS 60  
LSSMLGIPRL MGNIRPDSGH CRVPSITSTS SSRWCMVLRN SSFSSYPSTG PFGTWIRRL120  
10 SAASRNADHS TLGIIRATKL GLNSTGQIRT SVAWRRRGKP RDPTPRTCEL SRLWVSSFMS180  
PHKLSPPGRNR KKVVLRLCLTS GDAPLDAIG 209

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239

15 (A) LÄNGE: 146 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

30 INAFSHRNAK ININPPDAVA AALRPKSQRP RLTIKVFSE SVGVSVNGCA LGGTVERCAK 60  
SELQTIGQGH GVATRRRLSA GAPPRTHSQQ SSHWHEELKNK HLQGRGKRPR SRRSRARASA120  
ARGAPTGSQR GGSPKRARG RSRVLA 146

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240

40 (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:



SRTFSFLSFL HCANILTLFV SFQEPHRHIQ VKRSLNKCLQ PSQCKNKYQS SRRSSSRAAP 60  
KVPTATPNNY KSVQRECWRE CEWVCAGGHG GAVCKIGVAN HRTRAWSGYP PPTQRGRASP120  
HTLTAEFALG RVKK 134

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

PARTDRPLL ARFGLPPRCE PVGAPLAALA LARERRERGR FPRPCKCLFF NSSQCELCCE 60  
CVRGGAPALS RRRVATPCPC PMVCNSDFAH RSTVPPSAHP FTLTPTLSLN TFIIVRRGRW120  
DFGRSAAATA SGGLIFIFAL RWLKAFI 147

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

PVLCRGNSSGS LSRKFPPKPQ KPADKDHPT CVYLENRSPG KSDLSATPGR SGLESGYQNL60  
LRQHQPGRGRC PTWPGSRWKV PRRFPGYG 88

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243

50

(A) LÄNGE: 164 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

15 QDGCPSGDF AALQSLKAS SKDVVRQLCQ ESFSSSALGL KKLLDVTCS LSVTQEEAEE 60  
LLQALHRLTR LVAFRDLSSA EAILALFPEN FHQNLKNLLT KIILEHVSTW RTEAQANQIS120  
LPRLVDLDWR VDIKTSSDSI SRMAVAPPGL VPDGRFQGGG QAMG 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244

(A) LÄNGE: 87 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

FAWASVLQVD TCSRMI FVSR FLRFWWKFSG KRARIASAE RSRNATSLVR RCRAWSSSSA60  
SSWVTDKLEH VTSKSFFKPR AELEKLS 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245

5

DGPGGPTAHP HRCAPPGVC PGQAPAHLL CAAAPGHGQ GQPPAAGGLV GDADDRAGDLE 60  
CSPRRIFLHP RLHPPRHLGS CHLDRGCGCA GWSCCLHLRE TGWYILGPAE DSASAGSFLH120  
SHRCPQTL 129

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246

(A) LÄNGE: 268 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246:

ASPSNSQPTS PASAPALPPP ARRSRGAQTV SLTMGTADSD EMAPEAPQHT HIDVHIHQES 60  
ALAKLLLTCC SALRPRATQA RGSSRLLVAS WVMQIVLGIL SAVLGGFFYI RDTYLLVTSG120  
30 AAIWTGAVAV LAGAAFIYE KRGTYWALL RTLLALAAFS TAIAALKLWN EDFRYGYSYY180  
NSACRISSSS DWNTPTPTQS PEEVRLHLC TSFMDMLKAL FRTLQAMLLG VWILLLLASL240  
APLWLYCWRM FPTKGKRDQK EMLEVSGI 268

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247

35

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

DCTQDPQHDL HHPGRGHQPPA AAPGLGGPGP QRRAGEQEL GQGRLLVDVH IDVGVLWGLR 60  
 GHLITVGCSE CQGHSLRSSG PASGRREGWG AGWRSGLRVG GGG 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248

5

- (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

GSRRRDGGGA GAAPVAPRAL GRRARAGRCS EDEGGGGAQR VWGEQPVLAS GQSPPGQEGS60  
 FTRVWTRASL PTLGQVLQPG GVHVQV 86

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249

- (A) LÄNGE: 154 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

ARGGAMAAGL ARLLLLLGLS AGGPAPAGAA KMKVVEEPNA FGVNNPFLPQ ASRLQAKRDP 60  
 SPVSGFPVHLF RLSGKCFSLV ESTYKYEFCP FHNVTQHEQT FRWNAYSGIL GIWHEWEIAN120  
 NTFTGMWMRD GDDCRSRSRQ SKVELACASP SNCV 154

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250

50

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

15 PLDAVARART RQLHLALPAP GTAVVTVPHP HAREGVVVDL PLVPDAEDPT VGVPAEGLLV60  
LGHVVERAEL ILVRGLHQAE ALARESEEMH GSRHG 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251

(A) LÄNGE: 240 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

35 KVTDGHTRTP RSGVPRQHEA GSPGLTASHA MSIHLAGSLT AMDSICASER SQGVWRAPTP 60  
GCQGLSPGPR PGELPGGSSP EERLGRLAVA GPPRGAQNVS QAGPEAEAPP LRFGHAWGAQ120  
40 TPRLGAPGPW TPLPTLPSHI PPFWSQTPAQ RKEGFTEEGQ GRAWPQGGDE DISGPGSCRL180  
LWEEEPVCVK LLGLAARPTA GPSLDPCTWP SSCPLAAPGL GTGIEPRGLG WLGQGRDREG240

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252

(A) LÄNGE: 216 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

10 GLVMPGELRR PGLGPQAHGL PSPLCPPIFP LFGPRHQHKE RRGSRQKARA EPGPREGMRT 60  
FPVQVAAGCS GRKSHASVNC WGWRPAPLQG PALTPARGHP AALWLPLALA QASSLEGWAG120  
WARAGTGRGS TSDPDVGWLC PPRREAQOTS YTKAKSTIGE PRSHFMGRRP RPQGPQSKAR180  
GRFIPEDSPP GAAPAWGGVS RPLGCLSVCG TPWSTP 216

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253

15

(A) LÄNGE: 218 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

VLRRLYIYIL YITNMKWFST QPLWLNTKQR SHRRGPGPPP APLSGVLGSR GLPHHPSQGW 60  
GRAGPRAGAN VAWNSNCIVR WVGGQWARGC SQPGPFTTNL AMTCGGPWGS GCLLGSTLSE120  
35 VSPWAPPSCP QGHPVLPTL WAWGLQDPLC RVRVGAGHGS RHQPDAPVGV ARSWDGVVRN180  
TAPKTQNKNT TNGRRSPPT EVGFPELLIF PVSFLQPW 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 254

40 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

RDGGGAGAAP VAPRALGRRR RAGRCSEDEG GGGAQRVWVS SLAGWRLERG TARARSPLTL60  
PLPVGGTTRS CLRPVASRP 79

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 255

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

LGLEATGLRQ ERVVPPTGSG KVSGERARAV PRSSRQPARL LTQTRWAPPP PSSSLHLPAR60  
ARRPRARGAT GAAPAPPPS 79

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 256

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

WPGGDWPEAR TGCSTYGKRQ GQRGTGPGRP PLEPPAREAA HPNALGSSTT FIFAAPAGAG60  
PPAESPRSNR SRASPAAIA 79

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 257

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

15 GHLGGPTGSV CSRILLASSP FYMNCCINKH RVPETTEVII LPTECWPGQA W 51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 258

20 (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 258:

35 GGGFLGQIDK SKDNISLVTV IQLHSYTVAL FGLSHEEVLV TNYVFGCF 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 259

40 (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 : (A) ORGANISMUS: MENSCH



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 259:

5 AFRNTTNKV SDMLANQARL RSLRRPNWLC LLKDSSGLVS ILHELLHK

48

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 260

(A) LÄNGE: 179 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 260:

25 PGISVSVDKM ESSPFNRRQW TSLSLRVTA ELVLNKNKS SAIVEIFSKY QKAAEETNME 60  
KKRSNTENLS QHFRKGTLT LKKKWENPGL GAESHTDSL NSSTEIRHRA DHPPAEVTSH120  
AASGAKADQE EQIHPRSLR SFPEALVQGR YPHIKGEDL KDHSTESKMM ENCLGESRH 179

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 261

30 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 261:

45 QATLLLEPKL TKKNKSTPDL DSGHLLKPSF RVDIPTSRV RILKTTQQKV KKWKIV

56

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 262

50 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 262:

DSAPSPGFSSH FFFNTVRVPF LKCWERFSVL LLFFSMFVSS AAFWYLENIS TIADDLFLLT60  
RESSLAVTLN DSEVHCRLN GDDSILSTDT EIPG 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 263

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 263:

VMSPADKAA RADSARAARG KRKKNVEENM AYSALMEVAG YCLIERMLWN PMLKIKSVWL60  
CSYAVMVIPIR QLAKV 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 264

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 264:

5

AMFSSTFFFL LPRAARAESA RAALSAGSLI TYAFYKRLPK KKLLTRNVDK PLKANKQQT60  
VFAFSYSWQA EVRA 74

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 265

10

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

20

## (vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 265:

DSKAFSLLSS NQPLPSKLSR PCFPPHFFFF YLEPLEPNRL EPPCLLDHSS PTHFIKGYPK60  
RNC 63

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 266

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

40

## (vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 266:

RRGSGSRSSM APVLASMLWM STRGTAMTST SLCTSRARSR PMPSSSSPTP TAWRCCCATR60  
TRVSTSTRTG ASLRMWCCSG GRCLLLWPTS APTR 94

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 267

- (A) LÄNGE: 254 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 267:

GDRKPLYHYG RGMNPADKPA WAREVKERTR MNKQQNSPLA KSKPGSTGPE PPSPQASPGP 60  
PGLPWAPKPY HKFMAFKSFA DLPHRPLLVD LTVEEGQLK VIYGSSAGFH AVDVDSGNSY120  
DIYIPVHIQS QITPHAIIFL PNTDGMEMLL CYEDEGVYVN TYGRIIKDVV LQWGEMPTSV180  
AYICSNQIMG WGEKAIEIRS VETGHLDGVF MHKRAQLKF LCERNOKVFF ASVRSGGSSQ240  
VYFMTLNRNC IMNW 254

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 268

- (A) LÄNGE: 231 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 268:

GKKHLVIPLT QELEPLSSFV HEDPVEVARL HRADLNGFLT PAHYLVGADV GHRSRHLPL 60  
QHHILNDAPV RVDVDTLVLV AQQHLHAVGV GEEDDGMGRD LALDVHRDVD VIAVPRVDIH120  
SMEASTGAID DLEPLPLLYC QVDQQRAGE VVGKLEGHEF VVGFGGPGEA WGPWGGLGAG180  
GLRPRAAWLA LGQGRVLLLV HPCSLFYLSG PGWFFVSGIHA PTIMVQGLPV P 231

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 269

- (A) LÄNGE: 454 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 269:

GAGCTSPGLW ARKAAARCLP TYPSTRAQPSN VGRRRRRRPG LGALAAGVPA MAESVERLQQ 60  
RVQELERELA QERSLQVPRS GDGGGGRVRI EKMSSEVVDS NPYSRLMALK RMGIVSDYEK120  
15 IRTFAVAIVG VGGVGSVTAE MLTRCGIGKL LLFDYDKVEL ANMNRLFFQP HQAGLSKVQA180  
AEHTLRNINP DVLFEVHYN ITTVENFQHF MDRISNGGLE EGKPVDLVLS CVDNFEARMT240  
INTACNELGQ TWMESESVSEN AVSGHIQLII PGESACFACA PPLVVAANID ETKLKREGVC300  
AASLPTTMGV VAGILVQNVL KFLLNFGTVS FYLGYNAMQD FFPTMSMKPN PQCDNRNCRK360  
20 QQEEYKKKVA ALPKQEVQEE EEEIIHEDNE WGIELVSEVS EEELKNFSGP VPDLPPEGITV420  
AYTIPKKQED SVTELTVEDS GESLEDLMK MKNM 454

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 270

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 270:

KLTVPKFNRN FNTFCTKIPA TPIVVGRLA AQTPSRFRVF SSIFAATTSG GAHAKQADSP 60  
40 GIISCICPET AFSLTGPSIH VCPSSLQAVF IVIRASKLST QLRTRSTGFP SSNPPLLILS120  
MKC 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 271

(A) LÄNGE: 176 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 271:

10 CSSEYVLLLE LYLILLDEVG RKVYSYWLVP PCHNQRVATY QCHILSAFQQ SHYLLHQHLL 60  
LLRQRYGFSH SRLQPPFVSM PSSGCRDSNP PPLSSSSRCG PGRPLRRRSS GPADSSPGQV120  
PAPAPGPAAA GAPQTPPWLG LRPPTL PARA FAAAFAPRCS AGPARGTWGG TSPLPS 176

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 272

15

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

EARQAWTGAK GAGSLTFSSL QSGHLASGSQ SPESTKAPGT PPTPSYPGTP SRQLLWQWVQ 60  
PRPALPASSP CSRHQLYLPR QAMSWLLSPA PSVPLDFSGA SPVWATLCFP HPRLPHR 117

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 273

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

APALPPFAGN VLASQPSTIC SPRLLRGQPS LGHPLFPSSS APTQVTDPAD SFSLGKVGCC60  
LTSPSSPPPI HTHRHPPTPG RLVSHM 86

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 274

(A) LÄNGE: 177 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

EARTLPAGGG RAGAYCRERR LAVLAWAGPT AITVAYLGSL GRMEWVGCQG LWCFLVIGTL 60  
MPSAHFAKKK KLMTLLPWLL SMLAWPPRVG GTSPLLAEG EQVLSYDPIH QAGVLSPSGH120  
25 HSSQHQPVG LGQGSEKGWQ EVPRSSQPGR GTNALNTSKL RDPKVSTPGS GLPPHRH 177

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 275

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

QFPGPSVPEQ STSVSVTTSC LFPSLHLLQF IYMLLLLVHF CLPYQAVNEG RNLVCFIHHH60  
45 VPSAWHIVGL H 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 276

50

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

FFFFFFFFF FFFCLINMSI YLAPDGNTKS WQWEWKGSL S QILPYYVDPK AGLGSKAHKP 60  
PKQIFIEHLD YYRPSILLGT MGDVKEVISH MICLQAKNA SG 102

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 277

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

GVIESRRVLS RGVIRFIFKQ PNPGRGCPIL SALKKIPFPY LPASIMSVEE SNCGSFEGDG60  
PFFPV 65

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 278

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

FFFFFFFF FFLFNKYEHL FGTRWQYKIL AVGVVERFSL NTSILCRPKG RTWQQGSQTT60  
QTNIY 65

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 279

(A) LÄNGE: 489 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

LADSFPGSSP YEGYNYGSFE NVSGSTDGLV DSAGTGDLSG GYQGRSFEPV GTRPRVDSMS 60  
SVEEDDYDTL TDIDSDKNVI RTKQYLYVAD LARKDKRVLR KKYQIYFJNI ATIAVFYALP120  
30 VVQLVITYQT VVNVGTGNQDI CYYNFLCAHP LGNLSAFNNI LSNLGYILLG LLFLLIILQR180  
EINHNRALLR NOLCALECGI PKHFGLFYAM GTALMMEGLL SACDHVCPNY TNFQFDTSEFM240  
YMIAGLCMLK LYQKRHPDIN ASAYSAYACL AIVIFFSVLG VVFGKGNTAF WIVFSIIHII300  
ATLLSTQLY YMGRWKLDG IFRRIHVLV TDCIRQCSGP LYVDRMVLLV MGNVINWSLA360  
AYGLIMRPND FASYLLAIGI CNLLLYFAFY IIMKLRSGER IKLIPLLCIV CTSVVWGFAL420  
35 FFFFQGLSTW QKTPAESREH NRDCILLDF DDHDIWHFSL SIAMFGSFLV LLTLDDDLDT480  
VQRDKIYVF 489

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 280

40 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

5 APLCHRPVTL SCCGDESQHR CPALDGSRTA RSSLGLAWDS HGVAWNLAAA LCRGAGLLPW 60  
DPQMLAKLLL SSQCWGLPWA PVLWLSICPF ARGRMEGTPS PFHALHFARP PPHNAPAWDL120  
RPLFPILPL QGLVWGLNLC PVSGPQFSLG CPWLPSLPIP VSQDGWGYEI LGVGQLVPDF180  
WC 182

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 281

- 10 (A) LÄNGE: 536 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

25 ARPGCPAAIQ CWA AVLGLIP TARQSDRSMT QRSSGPLEVK RRAQLLEDI DLVPLHSIQV 60  
VIQCQHQEG PEHGDGGEEV PDVVVVKEVE EDAVPVVLPR LCRGFLPGAE SLEEEEEEREA120  
PDHGGANDAE QGDELDPLPT PELHDDVEGE VKEQVADANG QQVGSEIIGA HDKPIGSQRP180  
30 VDDVAHDQQH HAVHVERPAA LPDAVCVEHV EDAAEDPRVQ FPPAHVIELR AEEQGGDDVN240  
DGEDDPERRV PFAKDHAQHR EEDDNGQAGV GTVGAGVDVR VPLLVELQHA ESGDHVHERC300  
VKLEIGIVGA HMIASTEQPL HHQGCAGHVE KPKVFGDPTF QGTEVIAQQG PVVVDLPLQD360  
DEQEKQPQQD VPQVAEDVVE GAEIAQWVGA EEVVVADVLI PCDIHHRLVG DHQLHHRKGI420  
EDSNGGNVPE VDLVLFQNT LVLPCQVSHI EVLLGANDIL VGIDVGQCVV VILLHRAHGV480  
35 HSGPSTYRFK GAALVTVREV PSASAVNQTI GRSRNILKGA IVVTLIRGTA RKRISQ 536

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 282

- 40 (A) LÄNGE: 551 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

15 PLSSPSCCRY RRCRRRLRPP LRSVVQPGPR TMSLSRSEEM HRLTENVYKT IMEQFNPSLR 60  
NFIAMGKNYE KALAGVTYAA KGYFDALVKM GELASESQGS KELGDVLFQM AEVHRQIQNQ120  
5 LEEMLKSFHN ELLTQLEQKV ELDSRYLSAA LKKYQTEQRS KGDALDKCQA ELKKLRKKSQ180  
GSKNPQKYS D KELQYIDAI S NKQGELENYV SDGYKTALTE ERRRFCFLVE KQCAVAKNSA240  
AYHSKGKELL AQKLPLWQQA CADPSKIPER AVQLMQQVAS NGATLPSALS ASKSNLVIDS300  
PIPGA KPLPV PPELAPFVGR MSAQESTPIM NGVTGPDGED YSPWADRKAA QPKSLSPQ S360  
QSKLSDSYSN TLPVRKSVTP KNSYATTENK TLPSSSMAA GLERNRMRV KAIFSHAAGD420  
10 NSTLLSFKEG DLITLLVPEA RDGWHYGESE KTKMRGWFPF SYTRVLDS DG SDR LHMSLQQ480  
GKSSSTGNLL DKDDLAI PPP DYGAASRAFP AQTAGGFKQR PYSVAVPAFS QGLDDYGARS540  
MSSADVEVAR F 551

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 283

- 15 (A) LÄNGE: 185 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

30 AGEAAGQPGS PPSHQLAKCP PLTQGYPR LH GHVTRGVYPQ EAAPQPWAAQ PLGLALQGPA 60  
PHSARPCLEQ LGSSPGQTQV GQDQAAGAWM FSTQERTDDD RTGYMGRAGE ATRWAALQMW120  
PSAEEGGRP V GHCHRLQLDV GKGILTLVRR LRIWPLPHRR CSWTALHSHP GPGRRRARPH180  
35 CRASA 185

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 284

- 40 (A) LÄNGE: 518 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

5 SGGSESGHFH IGAAGHPRSI VIQALGEGGH GHTVGP LLEA AGR LGGEGPG GGAVIGGWDG 60  
 QVVLVQEVAR AAALPLLQAH VQPVTIAVQ DPGVGEGKPA PHLGLLTL SV VPAIAGLRHQ120  
 QGNEVTLL EA QEGAVVPSSV GEDGLHPHTA IALQAGCHGA RARQSLVLGG GIAVFWGHAL180  
 AHGECVGVGV AELALRLRRR QGFGLGSLAV SPRAVVLAIR ACDVHDGCA LLGRHPPHER240  
 CQLGGHRQGL GPRNGVGNQD VGLGGRQGAG EGGAVAGHLL HELHRALRDL AGVGTGLLPQ300  
 RQLLRQQLLA LGVVGRGV LG HGALLLHQEA EAPALLCQCG LVAVGHVILQ LALLVADGVD360  
 VLQLLV RVLL RILAALALLP KLLQLSLTLV QGVAFAPLLS LVFLQRSTQI PGVQLHLLQ420  
 10 LRKQLVVKRL QHFFQLIDL PVD FSHLEEN VSEFFGALAL AGQLPHLHQG VKVAFGCIRH480  
 TCQCLLVILP HGDEVPEARV ELLHDGLIDI FREPVHLL 518

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 285

- 15 (A) LÄNGE: 217 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 25 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

30 VREAAARREQR YQEQGGEASP QRTWEQQQEV VSRNRNEQES AVHPREIFKQ KERAMSTTSI 60  
 SSPQPGKLRS PFLQKQLTQP ETHFGREPAA AISRPRADLP AEPPAPSTPP CLVQAE EEA V120  
 YEEPPEQETF YEQPPLVQQQ GAGSEHIDHH IQQGGLSGQG L CARALYDYQ AADDTEISFD180  
 35 PENLITGIEV IDEGWWRGYG PDGHFGMFPA NYVELIE 217

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 286

- 40 (A) LÄNGE: 162 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

AGASGRLWLP SAFICLFSFS LASKGWWPPL FRMTLGNSER RELFLAEFVT KVRVDHGGLA 60  
 AGNLSWLSL CAPHISLSL CLGYGKWGCR WPSSHPGYSK TADTTCSSTR LTRCLQAPVC120  
 ASTDSDFRKS NTEWPWPVVF PYFLSQLIRV SEEQICFWTK KK 162

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 287

(A) LÄNGE: 173 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

LLACRGWPGR RWHEELNSGK VMYAFCRVKD PNSGLPKFVL INWTGEGVND VRKGACASHV 60  
 STMASFLKGA HVTINARAEE DVEPECIMEK VAKASGANYS FHKESGRFQD VGPQAPVGSV120  
 25 YQKTNVSEI KRVGKDSFWA KAEKEENRR LEEKRRAEEA QRQWSRSAGS VSA 173

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 288

(A) LÄNGE: 597 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

45 EKCGQYIQKG YSKLKIYNCE LENVAEFEGL TDFSDFKLY RGKSDENEDP SVVGEFKGSF 60  
 RIYPLPDDPS VPAPPRQFRE LPDSVPQECT VRIYIVRGLE LQPQDNNGLC DPYIKITLGK120  
 KVIEDRDHYI PNTLNPVFGF MYELSCYLPQ EKDLKISVYD YDTFTRDEKV GETIIDLENR180  
 FLSRFGSHCG IPPEYCVSGV NTWRDQLRPT QLLQNVARFK GFPQPILSED GSRIYGGGRD240  
 YSLDEFEANK ILHQHLGAPE ERLALHILRT QGLVPEHVET RTLHSTFQPN ISQGLQMWV300  
 50 DVFPKSLGPP GPPFNITPRK AKKYYLRVII WNTKDVLDE KSITGEEMSD IYVKGWIPGN360  
 EENKQKTDVH YRSLDGEFNF NWRVFPFDY LPAEQLCIVA KKEHFWSIDQ TEFRIPPRLI420  
 IQIWDNDKFS LDDYLGFLLEL DLRHTIIPAK SPEKCRDMI PDLKAMNPLK AKTASLFEQK480  
 SMKGGWPCYA EKDGARVMAG KVENTLEILN EKEADERPAG KGRDEPNMNP KLDLPNRPET540

SFLWFTNPCK TMKFIVWRRF KWVIIGLLFL LILLFVAVL LYSLPNYLSM KIVKPNV 597

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 289

- 5 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

20

DQHSCFKMSP DSKASHNPSF PKMGVESDME DETTAWMNLK PTKSCTSTSG PLKSGLLFTS 60  
SGLRGWSLST WKQGLCTAPS SPTFPRENFR CGWMFSPRVW GHQALLSTSH PGKPRNTTCV120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 290

25

- (A) LÄNGE: 289 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:

ETQVVIQRKL VIVPYLNDQP GWDSKFERLVN TPEMLFFRND TELFGWKVVK RENKSPVKIP 60  
FTIQRSVMDI CFLFVFFIAR NPAFDVDVTH FLSCDAFLVQ DNVLGVPDDH TQVVFLGFPG120  
CDVERRAWWP QTLGENIHPH LKFSLGNVGL EGAVQSPCFH VLRDQPLSPE DVKSKPLFRG180  
45 PEVLVQDFVG FKFIQAVVSS SISDSTPIFG KDGLWEAFES GDILKQLCWS QLISPGIDSR240  
NTVLLWYAAV GPKAGKESVF QINNCFSYFF IPGKGVIIID RNFQVFFLR 289

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 291

- 50 (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:

15 GTGDGSKEIN IVWGIQVPIF HNGPWVSTNH PVARFPRTS LASEGIIVPS TSTIRGMGVW 60  
RASCGDCRAD STSSIAQDRG PGLTIGHQAL GSLVWVGESW GQTWGEYLGG PRWLGWDLR120  
QSWALSISEE VVKKRDFLFH FLNFLCMLVE DMFAHKLRTL EFLATERTQP LILAQFLRVG180  
GDELLHFLW VFAPHLGLF L 201

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 292

(A) LÄNGE: 171 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

SVIFFKIGFC EGRLVGRGGV PGSEAQSCVL SSSVWISLAA SLMSLRTICL CWVMPLMLRT 60  
RRVRSLETPG LSSHRRRMF CRFQQISLML TLRSKVTQPR RKNLLSGWGS ESATRIKPGY120  
40 LLQREMISAR EMLGAMLRMK REQVLCSGRG LHSSPAASLG FSHSSSLGFS F 171

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 293

(A) LÄNGE: 485 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

10 EKEKPKEEEW EKPKDAAGLE CKPRPLHKTC SLFMRNIAPN ISRAEIISLC KRYPGFMRVA 60  
LSEPQPERRF FRRGWVTFDR SVNKEICWN LQNIRLRECE LSPGVNRDLT RRVNRINGIT120  
QHKQIVRNDI KLAAKLIHTL DDRTQLWASE PGTPPLPTSL PSQNPILKNI TDYLIEEVSA180  
EEEELLGSSG GAPPEEPPKE GNPAEINVER DEKLIKVLDK LLLYLRIVHS LDYYNTCEYP240  
NEDEMPNRCG IIHVRGPMPP NRISHGEVLE WQKTFEEKLT PLLSVRESLS EEEAQKMGRK300  
DPEQEVEKFV TSNTQELGKD KWLCPLSGKK FKGPEFVRKH IFNKHAEKIE EVKKEVAFFN360  
NFLTDAKRPA LPEIKPAQPP GPAQILPPGL TPGLPYPHQT PQGLMPYGQP RPPILGYGAG420  
15 AVRPVPTGG PPYPHAPYGA GRGNYDAFRG QGGYPGKPRN RMVRGDPRAI VEYRDLAPD480  
DVDFD 485

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 294

20 (A) LÄNGE: 368 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

ESSGFQAIGR AEDDARSCWV KTSESTRPYQ LLRRRRPTLI TYRIFRHHRH KDTSSGDHLT 60  
CRLDPQAKDL KDGQEEATK RQEAPVDRP EGDQRTVIS WRGAVIEPEQ GTELPSRAE120  
VPTKPPLPPA RTQGTPVHLN YRQKGVIDVF LHAWKGYRKF AWGHDELKPV SRSFSEWFG180  
GLTLIDALDT MWILGLRKEF EEARKWVSKK LHFEKDVVDN LFESTIRILG GLLSAYHLSG240  
40 DSLFLRKAED FGNRLMPAFR TPSKIPYSDV NIGTGVAHPP RWTSDSTVAE VTSIQLEFRE300  
LSRLTGDKKF QEAVEKVTQH IHGLSGKKDG LVPMFINTHS GVSPTWGVF HGGAPGADSL360  
LLSYLFE 368

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 295

45

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:

10 ALRSPPRMRI VLSNRLTSTS FSKCNFFDTH FLASSNSFLR PKIHMVSSAS ISVRPRPNHS60  
LKDLDTGFSS SWPHANLRYF FHACRKTSIT PFWR 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 296

15 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:

30 LLRHPLPGFL KFFPQTQDPH GVQRVDQCET EAKPLTEGPG HRLQLVMAPC KLAVSFPCM60  
EDVNHALLAI VQMHWCALCP GRWQGRLLGGH FCSS 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 297

35 (A) LÄNGE: 146 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

SGPLLAGPAT LTGRMSEVRL PPLRALDDFV LGSARLAAPD PCDPQRWCHR VINNLLYYQT 60

NYLLCFGIGL ALAGYVRPLH TLLSALVVAV ALGVLVWAAE TRALCAAAAA ATLQPAWPQC120  
LPSASWCSGS RAALAPSCSA SPGRCF 146

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 298

5

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

TQRHSHPPFS MLIPKLGPGA RHSQILNPGP KLFQTPPYLP TQVKTLPNLE LRTQVFHAPV 60  
WMESGILTVG PLVQVIPTLT SPICLPPALL RHFAPHPNVP HHRQPRGEVG TGLSREWGVY120  
VSVAAATIKPV ASLMPKKKKK STGRKYSSSS RP 152

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 299

- (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

RTTTTTIFAA GRLFFFFWHE RCNRLYCCSN TNIYAPFP AE ACPHLTPWLS MVWNIGVRGK 60  
45 MPKQSWREAN GTGEGRDHL D QGSNSQDTRL HPHRGMEHLG SEFKIWQCLD LGWKVWGWE120  
KLWSRVQDLR VPCSRPQFGD EHGE GWMGV S LGSQFEIGHG C SGLKPQFWG WM 172

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 300

- (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

50

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

15 WFWRESYWQT IKVDLQVEHP YQFLLKYAKQ LKGDKNKIQK LVQMAWTFVN DSLCTTSLQ 60  
WEPEIIAVAV MYLAGRLCKF EIQEWTSKPM YRRWWEQFVQ DVPVDVLEDI CHQILDLYSQ120  
GKQQMPHHTP HQLQQPPSPE PPTPLPGPCG CWASHLKEGK VVQPEPVEQC PVWPPKPK 178

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 301

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

40 CISQDVCANL KYKNGPPNPC IGDGGSSLFK MSRSTFWKTS ATKSWIFTHK ENNRCLITPP 60  
ISCNSPHLLS LPPRCLGPVV AGPPTSRRGR LYSPNPWSNA LSGLQNQNKT GSL 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 302

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

GGRPSNHRAQ AAGWEAQEMG AVAADGGCDE ASVVFLVSKD PGFGGRCLPK RRPQHLEQTA60  
PTISYTWVWR SILVFQICTN VLRDTSLLLL 90

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 303

(A) LÄNGE: 158 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

TQVMVQSMFA PTDTSDMEAV WKEAKPEDLM DSKLRCVFEL PAENDKPHDV EINKIISTTA 60  
SKTETPIVSK SLSSSLDDTE VKKVMEECKR LQGEVQRLRE ENKQFKEEDG LRMKRTVQSN120  
SPISALAPTG KEEGLSTRLL ALVVLFFFIVG VIIGKIAL 158

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 304

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

50

VNKALPFISK ALGQSVNTRL SLMTSTSDAA TVQFLWASDS VHQSQGADGL DRTEDESSL 60  
GREWATWGLL CGADRTPOHA GLQLPKGQHQ QARKGVILRE VIQHHVPRPT NV 112

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 305

- 5 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

20 FK GKTC EMSS YINFFLHMVM INLNPMIWWI HQSNLPSCAC YLYKAIFPII TPTIKNKTTT 60  
AKSRVLRPSS FPVGANAEMG LLLCTVFLIR SPSSSLNCLF SSRSL 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 306

- 25 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

40 RPPQRTLRLHS AQLGAAPAAL PQPLWELPRA HGSQRQPGPG EAADHAEQER EAAERPGSS 60  
PEEGQEGSGA FGGHTGHRAC ARCLGRGALG GRIPCGLLCQ LFRRDGCPAD SEVQHIIHQH120  
WQQLLP 126

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 307

- 50 (A) LÄNGE: 240 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

NVGRCEAQA RAGAASLNAS LDGLHNALFA TQRSLEQHQR LFHSLFGNFQ GLMEANVSLD 60  
LGKLQTMISR KGKKQQKDLE APRKRDKEA EPLVDIRVTG PVPALGAAL WEAGSPVAFY120  
ASFSEGTAAL QTVKFNTTYI NIGSSYFPEH GYFRAPERGV YLFAVSVEFG PGPQTGQLVF180  
15 GGHRTPVCT TGQSGSTAT VFAMAELOKG ERVWFELTQG SITKRSLSGT AFGGFLMFKT240

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 308

20

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 308:

35 KAGIEGHRGS CLPERRAQT WHRCPDPYVH QRLRFLLVPL PGSEFQVFLLL LPFPAQHGLQ 60  
LPQVQADVGF HEPLEVPKEA VEEPLVLLQA ALSGEECVVE AVKGGVEGGG PGPGLGLAAP120  
PDI 123

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 309

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 309:

5

PTTTLVIPLF FLSSRKRRKQK DSFQTALCSL HCSFPPQAAS TGKAHVVTYP FSEVLLFHGV60  
TLLSESKFRK QVLPLADKNH TSFL 84

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 310

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 310:

30

CDRVPLFLSY WCAVADSWLT ASSVSHVKGI LSPQPTCAP PGPANCFNF FFFFFFFLVET 60  
GSPSVAQDGL ELLGSSNPPT LASQSAEITG MSHYAQPEQD DLNLINSTPK QQLSLSQGCQ120  
GGLCEGKD 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 311

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 311:

50

WVAGRRHLLS VQTKSLQVLG LDLCVTPESQ CIRYLYKKLV WFLSAKGKTC FLNLLSDNKV60  
TPWKRRITSEK YGVTTWAFPV LAACFGKLQC RLQRAV 96

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 312

- 5 (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 312:

20 ISTSIAALWL PGGQDAGGGA LWPLCGSRGL CVSDRFPGNF RARLTSWKFK YSIALEF 57

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 313

- 25 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 313:

40 SAHQLOHCGY QGVRMRAVEP SGLCVVAEDS VSATVFRETS GRDSHLGNSN TQ 52

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 314

- 45 (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 314:

10

NSRAIEYLNLF QDVSLARKFP GKRSLTQSPR LPHKGQRAPP PAS

43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 315

(A) LÄNGE: 247 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 315:

30

GSSGSRFEVV VVLEERRGGR GRGMGRGDGF DSRGKREFDR HSGSDRSGLK HEDKRGGSGS 60  
HNWGTVKDEL TESP KYIQKQ ISYNYSDDLQ SNVTEETPEG EEHHPVADTE NKENEVEEVK120  
EEGPKEMTLD EWKAIQNKDR AKVEFNIRKP NEGADGQWKK GFVLHKSSE EAAHEDSVMD180  
HHFRKPANDI TSQLEINFGD LGRPGRGGRG GRGGRGRGGR PNRGSRTDKS SASAPDVDDP240  
EAFPALA 247

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 316

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 316:

FMKNKSLPL PISTFIWFSD IKFYFCPVL I LNSLPLIQSH LFWTLLFYLF NFILLIFSVC60  
HWMMEFTFRC FLSHI 75

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 317

- 5 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 317:

20 SFGILKHAKA LNRRVHKGTR VVLWHPVKPE LGMPLGHPHQ EQKHLTCRSC CHGLGAHHAH60  
VHLVLPCHRV LGGQGLQN 78

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 318

- 25 (A) LÄNGE: 235 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 318:

40 LHLGAQRALA PGLFRLQGML RALLGRQLFR ARGPPVVREP LPRTTRLAVR HVWPPCDRPL 60  
RVGPGSPLPP GPLMHMLPA PAHQGVLPGA RRQALLPALL PEALRLTARS ARPLPRRPRP120  
PGKAGSSRPR GLALRAGGPT HWRAPPLRYE ESSGVKFRNG PARPKPTRPQ SGLHTDKNSR180  
AGLHSIPTLE GAPLLGEGPC NSSSEARPG RPCSLHPHCS VHFFYLHKHT HSTSK 235

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 319

- 50 (A) LÄNGE: 478 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 319:

GSRRPPCSPR ATGPRPAMED LDALLSDLET TTSHMPRSGA PKERPAEPLT PPSYGHQPQ 60  
TGSGESSGAS GDKDHLSTV CKPRSPKPAA PAAPPFSSSS GVLGTGLCEL DRLLQELNAT120  
15 QFNITDEIMS QFPSSKVASG EQKEDQSEDK KRPSLPSSPS PGLPKASATS ATLELDRLMA180  
SLSDFRVQNH LPASGPTQPP VVSSTNEGSP SPPEPTGKGS LDTMLGLLQS DLSRRGVPTQ240  
AKGLCGSCNK PIAGQVVTAL GRAWHPEHFV CGGCSTALGG SSFFEKDGAP FCPECYFERF300  
SPRCGFCNQF IRHKMVTALG THWHPEHFCC VSCGEPFGDE GFHEREGRPY CRRDFLQLFA360  
PRCQGCQGPI LDNYISALSA LWHPDCEFCR ECFAPFSGGS FFEHEGRPLC ENHFHARRGS420  
20 LCATCGLPVT GRCVSALGRR FHPDHFTCTF CLRPLTKGSF QERAGKPYCQ PCFLKLFG 478

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 320

(A) LÄNGE: 285 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 320:

EQGLGVWRTR LFREGAASGG EGEPSGLSAE ELQEAGLAVG LAGALLEGPL GERAQAEAC 60  
40 EVVRVEAATQ GRHAAAGHRE ATRGAQRAAS CVEVLAQRA ALVLEKAASR EGREAFPAD120  
TVRVPERAER RDVVIQDGLA AALARGEQL QEVPAAVGAA LALVETLISE GLPATDAAEM180  
LWVPVSAQGG HHLVSDGLVA EATSWREALK VALGAEGGSI LLEEAASQG GGTASANEVL240  
GVPGAQSRH HLPSNRFIAG ATEAFGLGNN TPAAEVGLQQ PQHGV 285

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 321

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 321:

10 GLHLQPLLWR QSTEEEVREE GQALTEPKSC GAQGGAGHRG LTPCPTGNGL GLAQPKIPAL60  
SNSWRVDSVL ACLVSSDIFH TVEQNHQPCT DVTLCRKR 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 322

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 322:

30 ETQSSQRLTC PRSLGLDLSL RLRLQNPHSI CYISQGWGQG SCEQKEYQL LKGLGFVGRA60  
RQGQRGIQNK GASTSAWDGP IHSGRGCGVS PVLNRHLAS 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 323

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 323:

50 SNPKAPVSMW VKGPTMGTYT QEDESSLASE SDCLPQTPPQ NRLLSHLPLH SDKTQAHIPG60  
PGVFACICID GNAGPAKAFF YIK 83

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 324

- 5 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 324:

20 VFPTVLRGVL VPSSVTSKPG LIVPIGDEGG MRRSHLQLLS VERTSGTEKN RGP HGSLEGR 60  
GTRVGELIAE RRDVQRPSAP LSWDVNRIFP STPSLPVLP LFFFPSIKRC I 111

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 325

- 25 (A) LÄNGE: 272 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 325:

40 SSRASGITRA ARPCPAKNEG PSKAFVNCDE NSRLVSLTLN LVTRADEGWY WCGVKQGHFY 60  
GETAAVYVAV EERKAAGSRD VSLAKADAAP DEKVLDSGFR ELENKAIQDP RLFAEEKAVA120  
DTRDQADGSR ASVDSGSSEE QGGSSRALVS TLVPLGLVLA VGAVAVGVAR ARHRKNVDRV180  
SIRSYRTDIS MSDFENSREF GANDNMGASS ITQETSLGGK EEVATTEST TETKEPKKAK240  
RSSKEEAEMA YKDFLLQSST VAAEAQDGPQ EA 272

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 326

- 50 (A) LÄNGE: 241 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 326:

TLVFGRLRTK PFRIPGFLQR KRRWQIQEIK PMGAHLWIP AALRNKVEAP ERWSPPWCPW 60  
AWCWQWEPWL WGWPEPGTGR TSTEFQSEAT GQTLACQTSR TPGNLEPMTT WEPLRSLRRH120  
PSEEKKSLLP PLRAPQRPNK PRRQKGHPRR KPRWPTKTSC SSPAPWPPRP RTAPRKPRRC180  
15 RRLLPAPMTI TFRIMSILGP SAPGDPTPCS NTCLGFSYCP QRRAGPLLSG IKAWPNCYW240  
G 241

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 327

(A) LÄNGE: 121 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 327:

35

AVVRVTWYKG EGITLPPVLT PALVRGESIP IRLFLAGYEL TPTMRDINKK FSVRYYLNLV 60  
LIDEEERRYF KQQEVVLWRK GDIVRKSMH QAAIASQRFE GTTSLGEVRT PSQSDNNCR120  
Q 121

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 328

40

(A) LÄNGE: 140 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 328:

5 GETRVHSQQG GGIKAPSWDW FFREPGPLVK GLLGHVKQYL EQPRPWGYQV ERREGRRLLPC 60  
THLPWWAGFS LLGSTLPPSV HDTDFRASPC PRPSYRLLFQ DITDNPERME KGGAWVPAVS120  
GQKEVACGNL RSPHPRFPKR 140

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 329

10 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 329:

25 VFPCHLVGAG PTPATTSGTA KGSTRCDYPG PCWQLRIPGT CSDPVS GSSE SQEPRMRALC 60  
SPSSKTQGSP PRKGAHVQR GWLPGCYLFY PTSAAESQGE TASHPKPLGF SREKNLSQKH120  
DLFSGCK 127

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 330

30 (A) LÄNGE: 418 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 330:

45 GSTSTKNTKI SQACGVIVEL IKSKKMAGGA VLLAGPPGTG KTALALAIQ ELGSKVPFCP 60  
MVGSEVYSTE IKKTEVLMEN FRAIGLRIK ETKEVYEGER TELTPCETEN PMGGYGKTIS120  
HVIIGLKTAK GTKQLKLDPS IFESLQKERV EAGDVIYIEA NSGAVKRQGR CDTYATEFDL180  
50 EAEEYVPLPK GDVHKKKEII QDVTLDLDV ANARPQGGQD ILSMMGQLMK PKKTEITDKL240  
RGEINKVVNK YIDQGIAELV PGVLFDVDEH MLDIECFYTL HRALESSIAP IVIFASNRGN300  
CVIRGTEDIT SPHGIPLDLL DRVMIIRTML YTPQEMKQII KIRAQTEGIN ISEEALNHLG360

EIGTKTTLRY SVQLLTPANL LAKINGKDSI EKEHVEEISE LFYDAKSSAK ILGLTRQG 418

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 331

- 5 (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 331:

20

VPQCGLGANL PQVVQCLLTD VDSFRLGTD F NDLEHFLWSI QHGPDYHHSV QKVKRDAVRG 60  
CDVLSASDDT VASVGCKDDD GSDRRLOGAV QVGEALNVQH VDLINKQHTR DQLSNALVDV120  
LVHHLINLPS KFCVDFCLLW LH 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 332

25

- (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 332:

LAHHGQDILS PLGPRISHIQ VMQGHILDDF FLFVHIPFWQ GDILFSFKVE FCGIGITPAL 60  
PLHGPTVGFN VNHISSFYSL FLQTFKNAGV QFQLFGSFGC FESYDHMANG FAISSHGILC120  
LTRS 124

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 333

- 50 (A) LÄNGE: 176 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear



(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 333:

QAMGKKQKNK SEDSTKDDID LDALAAEIEG AGAAKEQEPQ KSKGKKKKKEK KKQDFDEDDI 60  
LKELEELSLE AQGIKADRET VAVKPTENNE EEFTSKDKKK KGQKGKKQSF DDNDSEELED120  
KDSKSKKTAK PKVEMYSGSL TNFLKKLKGG LKNQIRSGMG QRRMRITVKK LKSVQE 176

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 334

(A) LÄNGE: 193 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 334:

RFKIKKDCKT ESGNVLWEFN KLPKKAKGKA QKSNKKWDGS EEDEDNSKKI KERSRINSSG 60  
ESGDESDEFL QSRKGQKKNQ KNKPGPNIES GNEDDDASFK IKTVAQKKAE KKERERKKRD120  
EEKAKLRKLK EKEELETGKK DQSKQKESQR KFEEETVSKS VTVDTGVIPA SEEKAETPTA180  
AEDDNEGDKK NER 193

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 335

40

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 335:

5 ETVAFARPF PSLFSFPPLS SFLFLIFRS FCLLHCHLLQ LWESLLSLQR QELLQYQQL 60  
WILQFLLQIS FEIPFVYSDP FYLFLTLLFL SASAVSLFLH LAFFSRAPSF LPSFGPLS 118

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 336

10 (A) LÄNGE: 230 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 336:

25 LQRLPPGAE RPAHLCTGPG GEDGAGGRVP GTRPQRPPAL QRAEDGRQGG LRVAGTAGPP 60  
PGVPLRPGQG GSGHQEQGAS HPGSLDQGLT GAKRPQGCPA CGRRPPCVGG VPGSAHRPQP120  
EGAALRRGRS RLQQAGPCCC RVLWLRCHP AGLPRRPPAA DPGARAAAGG RHVLCRSPLH180  
PGLRPPLPQW GLLRPEGGCL CVPVSRGILR TALREGAGGE VSGGRGYLGL 230

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 337

30

(A) LÄNGE: 416 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 337:

45

QDGSGPFLAD FNGFSHLELR GLHTFARDLG EKMALEVFL ARGPSGLLLY NGQKTDGKGD 60  
FVSLALRDRR LEFRYDLGKG AAVIRSREPV TLGAWTRVSL ERNGRKGALR VGDGPRVLGE120  
SPVPHTVLNL KEPLYVGGAP DFSKLARAAA VSSGFDGAIQ LVSLGGRQLL TPEHVLRQVD180  
50 VTSFAGHPCT RASGHPCLNG ASCVPREAY VCLCPGGFSG PHCEKGLVEK SAGDVDTLAF240  
DGRTFVEYLN AVTESEKALQ SNHFELSLRT EATQGLVLWS GKATERADYV ALAIVDGHLQ300  
LSYNLGSQPV VLRSTVPVNT NRWLRVVAHR EQREGSLQVG NEAPVTGSSP LGATQLD TDG360

ALWLGGLPPEL PVGPALPKAY GTGFGVCLRD VVGRHPLHL LEDAVTKPEL RPCPTP 416

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 338

- 5 (A) LÄNGE: 241 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 338:

20 NQHMKNKTAMA RPRYPGRRQR STPSHSELLS IAPRRRAWGVA EGYGHVQGGW AGPAEQDQTQ 60  
IGPGLASAPQ QPGLAQAAARE QRRVPSSNI VWKSQYWRRR PRQGPEHTQE GAAQIGAWKG120  
PVGSPGGRAP SDLSSPFLSG TRVPPDGARV IQEPGLLPGG DTVGQAQCKA GAQHLEAGVC180  
VLRLPSTPSP PRCHLACPSL STRSVCSTAA WTEGRPGQQS LRPTLRQENH IKKRQVYKNR240  
K 241

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 339

- 30 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 339:

45 LLQPQGEPP GNPPMSTRGQ EATVLRTPEN LAGELFLVHP SLQLYLCPAD NVKDWSKVVL60  
AYEPVWAIGT GKTATPQQG 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 340

- 50 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 340:

FPVGVLSQSQ YQWPTQHRP GRPCSSPSRY LQGRDTAGGK GEQERALQPG SPEYEERWPP60  
AP 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 341

15

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 341:

SLLGCCSLAS TNGPHRLIGQ DDLAPVLHVI CRAEIQLEGR VNKKESSQV LRSTKNGGLL60  
PPSGHWGISR WHLPLGLEKS 80

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 345

(A) LÄNGE: 257 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 345:

5 KNLSQLEPRE NAKKEVRKER GMGWVAAGAA QLLSLLSTST ASDSSVISSS ACTSGLLPRR 60  
RSPASPRSAH LHHLGGLHF HLALADLLDV EGEGLVDR GLGARVHHV GREGFAQLVP120  
RRLQFLAPLG GHQARAQLVH ALLQGVPRLL QVFLGLEARL LQVLAGTHLG LLHLLGEG180  
LEVVAHQAL RLRSARDSS ITSSTSTASS DESSSAAASS SGRSPSPSS PSFSGSASDS240  
FSDLLMLSLA GSFTSSW 257

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 346

10 (A) LÄNGE: 237 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 346:

25 KSRRCQRRR ARSWARASGP RRTQRRWSFR RTRRWRLRL LRSPAQSVSS AGPAARGRLQ 60  
EGLLQGEDGE DQGAYPREPG EDAPQDQKPK GEDAAHPGEA HEQAGHAPGA RRAARETEDV120  
AGQVAQILHA RPRGVRALQD RGLQGATLHL PRQEDPRGPG GSAQGHDRDG GGRSGGRPAT180  
CGAGAAPTCT RCWRSPRSRT PCWWTRATAT ERPLPPTPF LAPSELPLSH SLSARAG 237

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 347

30 (A) LÄNGE: 263 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 347:

50 GRLPGYPDRR GPGASSAGAQ AAEEPSGAGS EELIKSDQVN GVLVLSLLDK IIGAVDQIQL 60  
TQAQLEERQA EMGAVQSIQ GELSKLGKAH ATTSNTVSKL LEKVRKVSVN VKTVRGSRLR120  
QAGQIKKLEV NEAELLRRRN FKVMYQDEV KLPKLSISK SLKESEALPE KEGEELGE180  
RPEEDAAALE LSSDEAVEVE EVIEESRAER IKRRACGAWT TSRRSPRRR WRRPRCVPAR240  
TWRRRASRPR KTWRRRGTPW RSA 263

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 348

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 348:

SSGSSRFGSS GSRRRYASLY FCCAIEDQDN ELITLEIIHR YVELLDKYFG SVCELDIIFN 60  
FEKAYFILDE FLLGGEVQET SKKNVLKAIE QADLLQEEAE TPRS GS 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 349

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 349:

LFLMPQNKVR MVICQEFFIT VSYKKRVALF TVLCVKSLFK ARMFPLGYLL KLNLFCEPPL60  
RSAAHFTAAS FLSMALPS 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 350

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 350:

TCLHGLYFHL YMLGWIKLCC DCDQHS GHVS TVLSHRQLVV INVQRTKKKK GAASLGGITG60  
SGVKR 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 351

10

(A) LÄNGE: 196 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 351:

LPGLPLRQLG GVCHGHRPGL LLHQQHGGGA GAVQQPQREE EALHDPGQGS APAELCQFQQ 60  
HVPFRFLQQP QAVQEGGGAG AGQGLVLWQP GAGLQGVQPG DDGAPDLQHG DAAGDSHHDD120  
PAQELPAAEH RAQGPGGPRP ALRGGARSNC RVCLVQMCPE APEGSHQLMP ASDPQQGWFA180  
30 AAQGEFVSD PGHHHH 196

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 352

(A) LÄNGE: 361 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
35 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 352:

50 SLASLSDSLG VSMATDQDS YSTSSTEEL EQFSSPSVKK KPSMILGKAR HRLSFASFSS 60  
MFHAFLSNNR KLYKKVVELA QDKGSYFGSL VQDYKVYSLE MMARQTSSTE MLQEIRTMMT120  
QLKSYLLQST ELKALVDPAL HSEEELEAIV ESALYKCVLK PLKEAINSCL HQIHSKDGSL180  
QQLKENQLVI LATTTTDLGV TTSVPEVPM EKI LQKFTSM HKAYSPEKKI SILLKTCKLI240

YDSMALGNPG KPYGADDFLP VLMYVLARSN LTEMLLNVEY MMELMDPALQ LGEGSYLT300  
 TYGALEHIKS YDKITVTRQL SVEVQDSIHR WERRRTLNKA RASRSSVQPL HLRVVPGARA360  
 A 361

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 353

5

- (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 353:

VDGFLQGLQD TFFVQGRLYNC FELLGVOGG VHQGLELGAL QQVALELGHH GANLLQHLRA 60  
 GGLARHHLQA VHLVVLHQAA KVRALVLRQL HLLVQLAVV GEESVEHAAE TGKAQPVPSL120  
 AQDHGGLLLH AGAAELLQLL LRAAGGVGVV VGGHHRHPQA V 161

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 354

- (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 354:

SGRGPKYVID VEQPFSCSTL DAVVNYFVSH TKKALVPFLL DEDYEKVLGY VEADKENGEN 60  
 VWVAPSAPGP GPAPCTGGPK PLSPASSQDK LPPLPPLPNQ EENYVTPIGD GPAVDYENQD120  
 VASSSWPVIL KPKKLPKPPA KLPKPPVGP KPEPKVFNGGL GREAASSVSA QPLLSPQAGL180  
 GRHGRQSYRR SWEKRRGTGS MVSDTPGTSG LVPGRARW 218

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 355

- (A) LÄNGE: 253 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

50



(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 355:

15 AGEVDGLTQ ETPLKPVSQL PGPAGAPTGR RGQAEDPGSV MASALRPPRV PKPKGVLPSH 60  
YYESFLEKKG PCDRDYKKFW AGLOGLTIYF YNSNRDFQHV EKLNLGAF EK LTDEIPWGSS120  
RDPGTHFSLI LRNQEIKFKV ETLECREMWK GFILTVVELR VPTDLTLLPG HLYMMSEVLA180  
KEEARALET PSCFLKVSRL EAQLLLERYP ECGNLLLRPS GDGADGVGHH AADAQRDARG240  
PALQGEAGGA PST 253

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 356

20

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 356:

LTTASREVQE NGCSTSITYL GPLPLHLVMP DHVRPVVHLP RGDRHRRRRP RWAAAAGSRT 60  
RGSAPGAVVP PAGSPSGSTR VSPVHGAPPL WPRLQTSCIG AQEAGSSRSG HGAPPLR 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 357

40

(A) LÄNGE: 223 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 357:

5

DHTCGCAGNL QEAIMLRSGV TSQGIHPGSP WCCTPTQAEI IVGDQSGAIH IWDLKTDHNE 60  
QLIPEPEVSI TSAHIDPDAS YMAAVNSTGN CYVWNLTGGI GDEVTQLIPK TKIPAHTRYA120  
LQCRFSPDST LLATCSADQT CKIWRTSNFS LMTLSIKSG NPGESSRGWM WGCAFSGDSQ180  
YIVTASSDNL ARLWCVETGE IKREYGGHOK AVVCLAFNDS VLG 223

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 358

(A) LÄNGE: 193 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 358:

30 FFFFFFFFFP EQHLRVGLLL LPPRLSPRPG PAWPVPNPVG WPGHLHQGGQ LLAGTNKPFH 60  
LAMVVVFSMD RGPETRAGRG REHTSLGVGT SLRPLSSFPG SADFPQCRL AQSRVQPG120  
GRALSHLDKQ LGAESPRAAW PSRRRHRGP SGPVAQAGRG GSALTWVLHG SLQLPPPAPG180  
SPEGSQASPA HCH 193

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 359

35

(A) LÄNGE: 251 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 359:

PGCCMGPPSSC HHLHQAVPRG HRLAQHTVIE GQADNSLLVA AILSLDLSSL HTPEPGQVVR 60

GSSDDVLGVP REGAAPHFAA GGLPGVAALD AQLRHQGEVG RPPDLARLIS RAGGEERGVG120  
 AEATLQGVAR VGRDLSLGDE LGHLVTNAPR QIPDIAVSGA IDSCHVAGVG IDVGGRDGD180  
 GLRDQLLVVV CFQVPDSDSP ALVTHDELCL GWGAAPGTPR VNALGGHTGP QHDCFLQVTS240  
 TSACMILTSS C 251

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 360

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 360:

GNIPHSNLTD ASSPKRIKIV ACTDQENILG RMKYVCLFFF KNKGFWNSGE

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 361

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 361:

KGNQLYQGET RALGTMTRT AFILHSDCF QSSNDCQATS QMTDNFCCSF LYKMLRQQA 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 362

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 362:

10

DKILLSPRME CSGMIMAHCS LDLPGSHLSL PSSWDHRHVP PCPANFYFGR DKVSPCCLGR60  
FQTPGLK 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 363

15 (A) LÄNGE: 84 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 363:

30

MRRCIHPSHS LSGSRQTQSP LSHSASNGST TKVAQQMRRA AAVVGESTEE TRLGRALGAA60  
GFTNKQLSEN TAQGEEKRVM CLQN 84

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 364

35 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 364:

50

CAYRTEKWKs HTVPCSPEVK LVLTLALRAF SSMEPLGLGR KARVSAHRHT SYLQDIDCLC 60

RGSTGQPTAN TAASLVASL LPVHPGDYSW INLPKNSAFI MSLFCSKTQN GSLPPRGRPS120  
HHCIPNR 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 365

- 5 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 365:

20

PYVHSPAWSP WGLVGRLVSV HTDIPATFRT LIVSAEVALG SQLQTQQPPW FQLLSFYIL 60  
ETTPGLIFLR TQHSLCHFVS RPKMAPCHL EADQVITVSP TASTVCIWYI VQAP 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 366

- 25 (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 366:

40

NLHSNIKVFF YNVPKISGPQ QAVFVPVFFN

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 367

- 45 (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 367:

10 KECMSEAQFL ATTLTGKNNC RGILQLIHTQ HLLHTVFTDS NLVG

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 368

(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 368:

30 NVDFRCKNML EIRFSAIKPN TKKIKKNVCQ KPNS

34

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 369

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 369:

QPSSLLHHCP YPYPPRHLLA TPLLKPQLLA GSPAHLIS FLASPQRASR QHGGPSQRAG 60  
50 TLSCPLVELG GSSGGRLCH GSADPTNRAA EPQERGEPA GDRRPLPEWG RVSLAESPGA120  
EFRCPGSLGE WGEIPEKESS AHPKTEE 147

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 370

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

5 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 370:

20 NHSCWQGPQL MPASSPFLA PKGPPGNMGG PVREPALSVA LWLSWGAALG AVACAMALLT 60  
QQTELQSLRR EVSRLQGTGG PSQNGEGYPW QSLPEQSSDA LEAWESGERS RKRRAVLTQK120  
QKNDSDVTEV MWQPALRRGR GLQAQGYGVR IQDAGVYLLY SQVLFQDVTF TMGQVVSREG180  
QGRQETLFRG IRSMPSPDR AYNSCYSAGV FHLHQGDILS VIIPRARA KL NLSPHGTFLG240  
FVKL 244

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 371

25 (A) LÄNGE: 185 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 371:

40 TPASWIRTPY PWACRPLPRL RAGCHITSVT SESFFCFWVS TALLFRDLSP LSQASRASEL 60  
CSGRLCQGY P SPFWGPPVP CSRLTSLRL CSSVCWVSRA MAQATAPRAA PQLNQRATES120  
AGSLTGPPML PGGPLGASKK GDEAGMSWGP CQQLWFQEWG SKEVAGRVRV RAVVQKGRRL180  
LRKEK 185

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 372

(A) LÄNGE: 148 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 372:

VLYHCASRYR RRARQTCAPS YTRSADLPSR TPPVEDLLEL SRAFWVGADG GGRVRVLGGT 60  
EAHEDGIPPE SMDHYADGHR PQHCHLGYRC HGRPQREGLP RCLKVPPVNL SSVSVFPFVT120  
HRAGMEFNGC SGQTLVHGQT SLLWILQD 148

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 373

(A) LÄNGE: 135 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 373:

CLPVRRRLRQF EPKTPKVEAE FQSMGSRLSQ PFESYITAPP GTAAAPAKPA PPATPGAPTS 60  
PAEHRLLKTC WSCRVLISGL LMGAGGYVYV VARKPMKMGY PPSPWTITQM VIGLSIATWG120  
IVVMADPKGK AYRVV 135

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 374

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 374:

5 IPCLLCVSRG KGQRQKTDLS VVLSNNAVGL PFGVCHDNDT PGGNAEADDH LRNGPWTRGV 60  
SHLHGLPCHP VHVPARPHQP QPRKHATAPA GLQQAVFCWG GRRSGCSWGR RFGGRGGGTG120  
RRSDIGLKRL GQPRPHALEL GLNLGRLWFK LA 152

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 375

- 10 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 375:

25 GAELQLRSCA MAVSQEGLDG EVKAPDARIF IPCANTAFTP DLQVLQQVLS SFTVSSPLFH 60  
SGFICYTPNL FSQSTPQSLP CWGQHRKRQN LRKEKGNLQP AMDLMIP 107

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 376

- 30 (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 376:

45 IPKNFYHNIH RSLYQLYLEV KQAWESIDCS ACPRVEALNK ATKTPFITDL TFQWPTGPGS 60  
GQVGHQANHL FPCASLCKSW SVPLARPSLV QDLGPQTKES RGLGFPDPRM VSL 113

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 377

- 50 (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 377:

15 FGGPQAQPHS AVGSSLSSQI QVNLSEKKNKG EPQTCSTTRD NNTPWQEDHV LDCLRTATVR 60  
QEACCDPLCS MPIAQASSIP YHLPPMLFFG TTLAKREYG KQRPRALLQY RHFEVGRQHM120  
LHSK 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 378

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

20 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 378:

35 HKIILISRYR RNSVVTQAI LYTPMILQRK HPSLLLPLW QLKICSSSTL KRRKRNNLSL60  
IPKLPH 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 379

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

40 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 379:

5 PEKSPGAGPL LGGSPFFFFF YVSKSTEFIL KHSIKFESHE TKASLHYMLI LAKSKDQHTI 60  
DIHDNVV 67

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 380

10 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 380:

25 FCIHFECLHV KTQLIYYFNI KPISFEAKLI LLEYKNGDS FFRMLKAQCL RFMLAALLAL 60  
LLPEMKTQN R 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 381

30 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 381:

45 MDGAQGRLLP VSSRHSNLAL LKPTSRDLTA PPEGASLMTV GGITAPRDVQ VWNPRTWESV 60  
TLRGKRD PAP VLQFRISWWG DDRGWLRWAL SNHGGPYKGR GVTRVCA 107

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 382

50 (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 382:

15 EVENHTNLLS YSSRGQESKM VFTRLKSCQC GFVSPRRLWG RIQCLFQLLQ GPPHRLAPGL 60  
LAIFTARSFL ASCADPRDSP SLIRAPMITQ GPPQPSTVIS PPRNPCLKHR RRVPFATQGN120  
TFPRPGVNL DISGGCYSTH RHQ 143

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 383

20 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 383:

35 SHTHAQLSNH GGVQEPPLPL GVPKPWGS DS GALSRPGCKL KTPGGFQNAQ CLGHNLDQLN60  
LNLQRDITAP QETPRGSQSA KPEETI 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 384

40 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 384:

5 LEPIRFQQKV MEKETEKRIE EIEDAAFLAR EKAKQDAEYY AAHKYATSNK HKLTPEYLEL 60  
KKYQAIASNS KIYFGSNIPN MFVDSSCALK YSDIRTGRES SLPSKEALEP SGENVIQNKE120  
STG 123

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 385

- 10 (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 385:

25 DNSCVRYVEA QQKSHGTTSR NLSAVRPVSL MTVCWLCQTL YLGKESPD LN GSFPWALSYR60  
GICNMEKIIF HFCSFNSINS LYK 83

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 386

- 30 (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 386:

45 CLTFQCRQYL SIRLSSFMSS SLERN TYRIL DKTVAEKTIC VSDSWLYPPI SGAPRTIAGE60  
VEQMKCKFSV NLKSPYNDCS HLTPWATS 88

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 387

- 50 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 387:

15 TCEPFRNPQV GKDP T PSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60  
RDLLLLLARIQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 388

(A) LÄNGE: 173 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 388:

35 AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKKKK 60  
KKKKKAFLSH RHKTQIIYCY EALFTNGQFL HFIAACERLP DGRPISLVLQ TSSQAIFYQK120  
GENSCLSFLK NAFLYLSIRH YTSELYKRP G TMSLVDTFH CSVAPFLAWE ASA 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 389

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 389:

5 TCEPFRNPQV GKDPTPSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60  
RDLLLLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 390

10 (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 390:

25 RCPRRGREMD SGCWLFGEF EDSVFEERPE RRSPPASYC AKLCEPQWY EETESSDDVE 60  
VLTLKKFKGD LAYRRQEYQK ALQEYSSISE KLSSTNFAMK RDVQEGQARC LAHLGRHMEA120  
LEIAANLENK ATNTDHLTV LYLQLAICSS LQNEKTIFC LQKLISLHPF NPWNWGKLAEL180  
AYLNLGPALS AALASSQKQH SFTSSDKTIK SFFPHSGKDC LLCFPETLPE SSLIFCGRDT240  
30 RNGRKIGKFC KCANLVGERG TG 262

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 391

35 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 391:

50 KPVPLSPTRL AHLQNFPIFL PFLVSLPQKI KELSGKVS GK HKRQSFPECG KKDLIVLSLE60  
VKLCCF 66

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 392

- 5 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 392:

QAGGRVPWLN GLCWLLYFPS LQQSPAPPYA YPGEPDTEPD LPGHPFSWQN WLMTIFQRYW60  
NTPAVLSDTL VVCRPGLL 78

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 393

- 25 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 393:

TSLEGIDLQP SHLTIYTAAL KEKTPDFRRL SPRVSETADS RKVARGPRFV MRDNPGRGGD60  
HRGLQAPGWM KEGRGWGL 79

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 394

- 45 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 394:

VTPPPPSQIS SFLPPSTAPF TKPPIPDPSS STPAFGDPYD HPRARGCPAL QIGAHGRPYG60  
SPRSPRREER DV 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 395

10

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 395:

PPPPPPKFHP SFRLLPPLQ NPPSPTLLHP PRRLETPMIT PAPGVVPHYK SGPTGDLTG60  
RGLRDARRET SEVWRLFLQG CCVDCEVGGL KINSLEGG 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 396

30

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 396:

NWRQTVWQRV REGACAQESS RPASGCRFLR CAIGASAFSG DRGSAVATNT QPHTNHHTK60  
WGQPHPVQAF TNVISVLFYF 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 397

50

- (A) LÄNGE: 309 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 397:

20

YDNSSTCKKG KVFPGKISVT VSETFDPEEK HSMAYQDLHS EITSLFKDVF GTSVYGQTVI 60  
LTVSTLSLSPR SEMRADDKFV NVTIVTILAE TTSDNEKTVT EKINKAIRSS SSNFLNYDLT120  
LRCDYYGCNQ TADDCLNGLA CDCKSDLQRP NPQSPFCVAS SLKCPDACNA QHKQCLIKKS180  
GGAPECACVP GYQEDANGNC QKCAFGYSGL DCKDKFQLIL TIVGTIAGIV ILSMIIALIV240  
TARSNNKTKH IEEENLIDED FQNLKLRSTG FTNLGAEGSV FPKVRITASR DSQMQNPYSR300  
HSSMPRPDY 309

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 398

25

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 398:

40

QALIASTTFN VIDSYLASEL DSLQTFTTSI QRGWQMSDGR KTPEARSLLV LTSPSVFLNT 60  
LNNSLYIGWG PWRVPHSYDS NSQGGACCCV LNRDFASGCL WRPLS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 399

45

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 399:

10 CFSCFVICSV SLCTLNIYPL CDKKKKKKKK SRTSTFDFSQ PQPRKNGSWD KQLVFVSKTQ60  
IGHINATAFR SDFDF 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 400

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 400:

30 RKKAVCFMND LICFLDNTEK NNVLSQAWWC VHLVPTIWEA EAGGSLEPRS LKLQCPVVAP60  
VNNCTPAWAT 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 401

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 401:

50

LVPQGSLQQT HPFVFFSFLE MRSRYVAQAG VQLFTGATTG HCSFKLLGSS DPPASASQIV60

GTRCTHHHA

69

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 402

- 5 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 402:

20

PPLWVATVRN GCCHVEWTLF ANRSLPGFGN TSITSLLLFC RDKTFEVARP RTSKDSCYSA60  
TVYTAHLSYS HVLSSLVRLF 80

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 403

- 25 (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 403:

40

LTNMSDHLFG WLLLEMAVVM FSGLCQPTDP CQVLEILLP RCYFSAGIKL LRWPDPEHPR60  
IPVTVLQYTL LIYPILMCFL L 81

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 404

45

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 404:

VSHYPHSVSK PPKHQTKQMV VALTHSRLTS EFKWENTPYT TVIIPLWTLN ITYFLKIILL60  
KKKAHENRIN EQCIL 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 405

15

(A) LÄNGE: 328 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 405:

35

RYLNMGNLLK VLTCTDLEQG PNFFLDFENA QPTESEKEIY NQVNVVLKDA EGILEDLQSY 60  
RGAGHEIREA IQHPADEKLQ EKAWGAVVPL VGKLKKFYEF SQRLEAALRG LLGALTSTPY120  
SPTQHLEREQ ALAKQFAEIL HFTLRFDELK MTNPAIQNDF SYRRTLSRM RINNVPAEGE180  
NEVNNELANR MSLFYAEATP MLKTLSDATT KFSSENKNLP IENTTDCLST MASVCRMVLE240  
TPEYRSRFTN EETVSFCLRV MGVIIILYDH VHPVGAFKAT SKIDMKGCIK VLKDQPPNSV300  
EGLLNALRYT TKHLNDETTTS KQIKSMLQ 328

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 406

40

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 406:

5 YYIHLIINFL LRLCRLGIFK IKEKIWPLLK VCACQNEKKI PHVKVPSASA GDSVLVLLSS 60  
ARASRRSQSR SCALLDRRGG SSAALGGAPG PERGSGGSRT GSPSTPAPVA EPPQA 115

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 407

10 (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 407:

25 QEPALALDAG WENMGYLLRL PEDLLMLLLT SEKIRKISLI CLLVEQLHPM PSLATSHLLD 60  
AGLPLVFRGQ LLCMTASPPR CLLHLLILHS PDYKFPSQTL 100

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 408

30 (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 408:

45 TVLHSHLPSS CLPCLSTHSV KEPRGATSPR LCFPTACGMG VSSATAGLRC FHQPCRHLVL 60  
HEEQTLRGWS GMGRSPLGGQ ALVPSRFPSL APGVHTAQSA PGGWKPPCFR SLGSPP 116

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 409

50

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 409:

SPDERCSIRT SPPRACFASP RTVLRSEQEP LRPDFVSPPP AAWVCPVPPL ASAASISLVA 60  
TWSFMKSRHL EAGREWGRP WEGRRWFQAG SRPWRLECTQ PSRHLVAGSH PALDHSGPHL120  
RRVPALDQSR GH 132

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 410

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 410:

WKQRRPAVAL DTPMPQAVGK QSLGEVAPLG SLTLCVERQG RHEEGRCEWS TVHPGISQPE 60  
SPPSLAAPEH SLWPTATEMS ACQDTWRRKK TRHQKKLPPQ EQIELLDQGH TRSGRHPAPC120  
40 AQGKETQFNV WLLCSRETAT LP 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 411

- (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren  
45 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 411:

10 KRRGVRQFRW LVCTRRASPG AARSAPIAPA TGSGRRPNMD SAGQDINLNS PNKGLLSDSM 60  
TDVPVDTGVA ARTPAVEGLT EAEELRAE LTKVEEEIVT LRQVLAAKER HCGELKRRLG120  
LSTLGELKQN LSRSWHDVQV SSAYVKTSEK LGWNEKVTO SDLYKKTQET LSQAGQKTS180  
ALSTVGSALS RKLGDNRSA TFKSFEDRVG TIKSKVVGDR ENGSDNLPSS AGSGDKPLSD240  
PAPF 244

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 412

(A) LÄNGE: 149 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 412:

35 LGHFLIPLSK FLRSFHIGAR DLHVMPAPGQ VLFQLPQGGE AQPPELSTV PLLGCQDLAQ 60  
SDNFLFHLGK LPELLLLSL CQTLNSRSPG SHTCVDNRIR HGVRQQTFVR RIQVDILAGG120  
VHVRAASGPC RGRYGSRAGG AGRSSPRTH 149

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 413

(A) LÄNGE: 143 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 413:

5 ALETCTSCQL LDRFCFSSPR VERPSLLLSS PQCLSLAART WRRVTISSST LVSSALSSSS 60  
SASVRPSTAG VRAATPVSTG TSVMESDSRP LLGEFRLISW PAESMEGRRP DPVAGAMGAE120  
RAAPGEARRV HTSQRNCLTP RRF 143

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 414

10 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 414:

25 RGRGALWAA KELRRTKKLS DYVGKNEKTK IIAKIQQRGQ GAPAREPIIS SEEQKQLMLY 60  
YHRRQEELKR LEENDDDAYL NSPWADNTAL KRHFHGVKDI KWRPR 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 415

30 (A) LÄNGE: 386 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 415:

45 AAELRDCGSR RISRSPSSNS HLSPRISLSG NLGPQTSRLG GPPSPSATWS VFWQLPRQQS 60  
LPGRGSANLL PSVRSESAVL SDCVGGFPGR SSVRAWIAGP RCTPASPTRV LSLSWRLFNS120  
ASLLLLATST SGSECRFPRS PRARERGIPD CERLLVRRSC WRSGDPRPAG PAGHAAGAFS180  
50 TPQYLLGGTAM VLLHVKGDE SQFLLQAPGS TELEELTVQV ARVYNGRLKV QRLCSEMEEL240  
AEHGIFLPPN MQGLTDDQIE ELKLDWEWE KCVPSGGAVF KKDDIGRRNG QAPNEKMKQV300  
LKKTIEEAKA IISKQVEAG VCVTMMVKD ALDQLRGAVM IVYPMGLPPY DPIRMEFENK360  
EDLSGTQAGL NVIKEAEAHG GGQPRS 386

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 416

- 5 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 416:

20 GVEKAPAAWP AGPAGRGSPD RQQLRRTNSR SQSGIPRSLA RGERGKRHSL PEVDVAKSNS 60  
EAELKSRQLK LRTRVGEAGV HRGPAIQART ELRPGKPPTQ SERTADSSERT DGRRFADPLP120  
GSDCCRGNCQ NTDQVAEGEG GPPNRLVWGP RFPLREIRGL RWELLDGERE IRREPQSRSS180  
AA 182

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 417

- 25 (A) LÄNGE: 467 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 417:

HTLSRWTKHS IPRWNDARTD DTWHSELMR KIGQARNTLM DMRLSQVSDS VSGQTVVDPK 60  
GYLTDLNSMI PTHGGDINDI KKARLLLKSV RETNPHHPPA WIASARLEEV TGKLQVARNL120  
IMKGTEMCPK SEDVWLEAAR LQPGDTAKAV VAQAVRHLPQ SVRIYIRAAE LETDIRAKKR180  
45 VLRKALEHVP NSVRLWKAHV ELEEPEDARI MLSRAVECCP TSVELWLALA RLETYENARK240  
VLNKARENIP TDRHIWITAA KLEEANGNTQ MVEKIIDRAI TSLRANGVEI NREQWIQDAE300  
ECDRAGSVAT CQAVMRAVIG IGIEEEDRKH TWMEDADSCV AHNALECARA IYAYALQVFP360  
SKKSVWLRAA YFEKNHGTRE SLEALLQRAV AHCPKAEVLW LMGAKSKWLA GDVPAARSIL420  
50 ALAFQANPNS EEIWLAAVKL ESENDEYERA RLLAKARTV PPPPGCS 467

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 418

(A) LÄNGE: 352 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

5 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 418:

20 TPGRWGHCPRL LGQQPPGPLV LIILGLQLHG CQPDLLTVGV GLEGQQQDAP CCRHIPCQPL 60  
GLGAHEPQHL CFGAVGHSPS QECFQGLPSA MVLLVVRGAQ PHTLLAGEHL QGVGVDSCT120  
LQGIYGYTTV SILHPGMLPI FLLNPNPNHG THDGLAGGHT PSPVTFLGIL DPLLTVDLHT180  
VGPQRGDGVS DDLHHLRVP IGFLQLSSRD PDMSVCRNVL PRLVQDLGI FIGLQPCQSK240  
PELHAGGAAL HSSAQHDSSI FRFFQLNGCF PQANRVWNML EGFKNPLLC TNVRFQLCGS300  
DVNPDRLEWEM TDSLGYHGLG CVPRLQPGCF QPDIFTLGAH LRPLHDKVPS YL 352

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 419

(A) LÄNGE: 424 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 419:

45 PPGAPFFLFF FFLTRDIKTF NEGGHSSEPF HMRPNPAPRR PAMATAQSEG VLDAAGHQPK 60  
DVPDLLLPVG DVLGHGAPQL PMPRLCTLTA LPHLLLLLS AMLQLKLVVEE GPGIPQVRVN120  
LHSAVEPLPG LGDLPLTPKQ LGHGQEHMGV MLTLLQGIHA LGPPLGPCLE EDGLRPQDTG180  
VGALLQRLGH ECICDVLQPR TVLQPHGLQP QPRVLWVLQT RLFQNGPCSS KLPNLLQPR240  
EQKPQGGCGVG TLLQPLVIGF PRLHHLHLL LDLPPLHHPQL GEVLIVPQGL LAQILGCPDV300  
VLHPLQLHRL HEHPGGGGTV RALASSLRAR SYSSFSDSSF TAASQISSLL GLAWKARARM360  
LLAAGTSPAS HLDLAPMSHS TSALGQWATA LCRSASRDSR VPWFFSKYAA RSHTLFLLGN420  
50 TCRA 424

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 420

- 5 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 420:

GRTLPRGGGT VVVGHGLEG WWAALSGSGF PAVGFLFWLL RLVIYFLSLLP VTPGAPEYRL 60  
FSPWAVSLSC FLTLLPGLLC VHLRLAWSKQ VRPLLLYSLV LFWHLVKLA 109

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 421

- 25 (A) LÄNGE: 177 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 421:

40 VSPSSSAAG TLFQGLCGAP DAPHFLSKIP GGRGGGRDPS LSALIYKDEK LTVTQDLVPN 60  
DGKPHIVHFQ YEVEVKVSS WDAVLSSQSL FVEIPDGLLA DGSKEGLLAL LEFAEEKMKV120  
NYVFICFRKG REDRAPLLKT FSFLGFEIVR PGHPCVPSRP DVMFMVYPLD QNLSDED 177

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 422

- 45 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 422:

10 ASRPYILELR EKDPCLRPLAH RGSSTVGEH QEHRGPGTM CLQHWSWGL LNGKILLSWV 60  
FIILGGSAGG GRRRRGEWVG GRVGGCGVAR AGRSLWAKSL SGRGRVPSSC LSER 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 426

15 (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 426:

30 PFCSSLAKLQ GIWGMWDLQF PAPASALSQV LTPAPASAPA PGRAPAPAAA 50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 427

35 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 427:

50 EDKMRPGLSF LLALLFFLGQ AAGDLGDVGP PIPSPGFSSF PGVDSSSSFS SSSRSGSSSS 60

RSLGSGGSVS QLFSNFTGSV DDRGTCQCSV SLPDNNFPVD RVERWNSQLI VISQ

114

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 428

5

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 428:

EITMSCEFQR STLSTGKLLS GRETEHWQVP RSSTEPVKLE NNWDTEPPLP KLRLELEPDL 60  
EELKLELES TPGKELKPGI GIGGPTSPKS PAAWPRKNRR ARRNERPGLI LSS 113

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 429

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 429:

AAAGAGARPG AGAEAGAGVN TWERAEAGAG NWRSHIPQIP CSLAKEEQKG

50

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 430

- (A) LÄNGE: 224 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 430:

QTQKVVTSP RITLHWLLPC AAHPPDLHKK QGENSGCAPA TAHSAPPGRS PPELRAGLQR 60  
LARAVLPVSR FSAPQPPAAS FSGPRVAPSE ESGPGTSSNS GRLALPRLRS LCPLGVARPR120  
CCRALARCCC SSSPRTAAWA RRAGSSSLAS PTSPTSDELQ AHFGQPAAPV RHRIPEHAAA180  
15 QPAGPRDHEG GAGAGRRLLD AGHEAVPPGH QEVPVLALRP RLPR 224

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 431

20 (A) LÄNGE: 408 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 431:

35 PALLGLFFIG SSLAPPTLQI CIKKAKKTLA VPQQRLLLP RVGAPRSCAR ACSASPALSS 60  
RCPASPRPSR RLPAFRGPES HPAKRAGPGQ ARTPAASPPF GSAPSAPSGS RAHDAAGPWL120  
AAAALPRLAL LPGLGARALP LWPARLLQA QNCKPIPANL QLCHGIEYQN MRLPNLLGHE180  
TMKEVLEQAG AWIPLVMKQC HPDTKKFLCS LFAPVCLDDL DETIQPCHSL CVQVKDRCAP240  
VMSAFGFPPW DMLECDRFPQ DNDLCIPLAS SDHLLPATEE APKVCEACKN KNDDNDIME300  
40 TLCKNDFALK IKVKEITYIN RDTKIILETK SKTIYKLNGV SERDLKKSVL WLKDSLQCTC360  
EEMNDINAPY LVMGQKQGE LVITSVKRWQ KGQREFKRIS RSIRKLQC 408

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 432

45 (A) LÄNGE: 323 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 432:

10 VISFTFIFSA KSFLQSVSIM SLSSSFLFLQ ASHTFGASSV AGRRWSLLAR GMQRSLSWGK 60  
RSHSSMSGQG KPKADMTGAQ RSFTCTQSEW HGWMVSSRSS RQTGAKSEHR NFLVSGWHCF120  
MTSGIQAPAC SSTSFMVSWP SRLGSRMFY SMPWHSCRLA GMGLQFCACR RSRAGQRGRA180  
RAPSPGSSAR RGRAAAASQG PAASWARDPE GAEGAEPGKG EAAGVRACPG PALFAGCDG240  
PRKAGSRRRLG RGEAGHREDS AGEALQARAQ LRGAPTRGSR MSRCWGTARV FLAFFMQIWR300  
VGGAREEPMK GNPRRAGHYF LGL 323

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 433

(A) LÄNGE: 333 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 433:

35 RGRTWELFLA GRRVLVTGAG KGIGRGTVQA LHATGARVVA VSRTQADLDS LVRECPGIEP 60  
VCVDLGDWEA TERALGSVGP VDLRGDCADM ELFLAGRRVL VTGAGKGIGR GTVQALHATG120  
ARVVAVSRTQ ADLDSLVRER PGIEPVCVDL GDWEATERAL GSVGPVDLLV NNAAVALLQP180  
FLEVTKAEFD RSFEVNLRAV IQVSQIVARG LIARGVPGAI VNVSSQCSQR AVTNHVSVC240  
TKGALDMLTK VMALELGPHK IRVNAVNPV VMTSMGQATW SDPHKAKTML NRIPLGKFAE300  
VEHVVNAILF LLSDRSGMTT GSTLPVEGGF WAC 333

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 434

(A) LÄNGE: 210 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:



## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 434:

5

APGHNLRHLD DRTQVHLKGS VKGLLGDLQE GLQQGDSGVV HQQVHGAHAA QRPLGGLPVT 60  
QVHAHGFYPR ALADKAVKIR LSPAHHHPR ARRQRLDRA APYTFACPGD QHPAAREEQL120  
HVGAVSAQVH GAHAAQRPLG GLPVTQVHAH GFYPRALADK AVKIRLSPAH SHHPRARRVQ180  
RLDRAAPYTF ACPGDQHPAA REEQLPCSPT 210

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 435

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 435:

FFFFFFFFFL GSRIRFIGGI GGRMSTAWGL RCVEGAQQAQ KPPSTGKVEP VVMPLRSLSR 60  
30 KRMAFTTCST SANLPSGIRF SIVLALWGSL QVAWPMDVIT TVGFTAFTRI LWGPSSRAIT120  
LVSMSRAPLV EQ 132

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 436

35 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 436:

50

KAKSWVPSDF RFQELPENTR SQRVIFWSLF CRDSWEYGHP APRCGNESSR SGEAALADVQ60  
LAAPVSNQLH PDGVEDRGVG GLLPELHHA E PYLV 94

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 437

- 5 (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 437:

20 FSGVCFAGIA GSMATLLHDA VMNPAEVVKQ RLQMYNSQHR SAISCIRTVW RTEGLGAFYR60  
SYTTPSPISC 70

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 438

- 25 (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 438:

40 KAPNPSVLHT VRMQLIADRC CELYICKRCF TTSAGFITAS WSRVAILPAI PAKQTPENYP60  
LRSGVLRKFL EPKIRRNPGI SFLRSKMYIQ SAQVSTDS 98

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 439

- 45 (A) LÄNGE: 270 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 439:

RSVVRRLCKM AAEEPQQQKQ EPLGSDSEGV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSR 60  
LELSVLYKEY AEDDNIYQQK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSL EALLDDSKEL120  
QRFKAVSAKS KEDLVSQGFT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL180  
15 VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIHII ALAQALSVSI240  
QVEYMDRGEG GTTNPHIFPE GFRAQGLTLF 270

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 440

20 (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 440:

35 RWRRRLSSR SRSRWAATPK VLTWVPMMP SWLSRTEFSK RLLCRTLWCQ SGWSSRSYTR 60  
SMLKMTTSIN RRSRTSTKST RTSARPGLTA TVSIGLSDSP TWRHCWMTAR SCSGSRCLPL120  
RARKTWCPRALNSQLRIST TRSWT 145

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 441

45 (A) LÄNGE: 210 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 441:

IAPSRLKQ GK TLGSEALRED VRIGGAALAA VHVHLHDGHA EGLGQRNDVD VVALLAHGLH 60  
LLLAELLDSP STLDEVLEEL ALALQVARGE QPQVDHKVVG GALVIEGGQQ VGDRGLLLHL120  
LNQVHERVVE ILNCFSEAL GHQVFLALGR HSLEPLQLLA VIQQCLQVGE SESPIETVAV180  
10 RPLADVRVL FVEVLDLLLI DVVIFSILLV 210

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 442

(A) LÄNGE: 322 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
15 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 442:

NSERGLQAM MTHLHVKSTE PKAAPQPLNL VSSVTLSKSA SEASPQSLPH TPTTPTAPLT 60  
30 PVTQGPSVIT TISMHTVGPI RRRYSKYNV PISSADIAQN QEFYKNAEVR PPFTYASLIR120  
QAILESPEKQ LTLNEIYNWF TRMFAYFRRN AATWKNVVRH NLSLHKCFVR VENVKGAVWT180  
VDEVEFQKRR PQKISGNPSL IKNMQSSHAY CTPLNAALQA SMAENSIPLY TTASMGNP TL240  
GNLASAIREE LNGAMEHTNS NESDSSPGRS PMQAVHPVHV KEEPLDPEEA EGPLSLVTTA300  
35 NHSPDFDHDR DYEDPEVNED ME 322

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 443

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
40 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 443:

FGTRAPASHD DPPACEVYRT QSCPSAPESG IKCHPLQVRI GGFSTELTSY SNDPNRPPDS 60  
 RHPRPLCHHN HQHAHGGTHP QAVLRQIQRA HFVSRYCAEP RIL 103

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 444

- (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 444:

SLSWSKSGLW LAVVTKDRGP SASSGSRGSS LTCTGCTACI GDLPGLLSLS LLLVCSIAPF 60  
 SSSRIALAKL PRVGFPMEAV VYRGILFSAI EACKAALRGV Q 101

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 445

- (A) LÄNGE: 539 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 445:

LDVQVKDDSR ALTLGALTLP LARLLTAPEL ILDQWFQLSS SGPNSRLYMK LVMRILYLD 60  
 SEICFPTVPG CPGAWDVDSE NPQRGSSVDA PPRPCHTTPD SQFGTEHVL RHVLEAQDLI120  
 AKDRFLGGLV KGKSDPYVKL KLAGRSFRSH VVREDLNPRW NEVFVIVTS VPGQEELEEV180  
 FDKDLKDDF LGRCKVRLTT VLNSGFLDEW LTLEDVPSGR LHLRLERLTP RPTAAEELEEV240  
 LQVNSLIQTQ KSAELAAALL SIYMERAE DL PLRKGTKHLS PYATLTVGDS SHKTKTISQT300  
 SAPVWDESAS FLIRKPHTES LELQVRGEGT GVLGSLSLPL SELLVADQLC LDRWFTLSSG360  
 QGQVLLRAQL GILVSQHSV EAHSHSYSHS SSSLSEEP EL SGGPPHITSS APELRQLTH420  
 VDSPLEAPAG PLGQVKLTW YYSEERKLVS IVHGCRSLRQ NGRDPPDPYV SLLLLPDKNR480  
 GTKRRTSQKK RTLSPEFNER FEWELPLDEA QRAKLDVSVK SNSSFMSRER DCWGRCST 539

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 446

- 5 (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 446:

20 LLCLPAFVSL HHRLNVMSLK LGSKGRACAL QPFHLTG PYS GLCLTKEKNR MFPLLHGLYP60  
SGPLGRGP EL AVSCFACTLF SLPPNSSGPS VSVPGWQH 99

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 447

- 25 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 447:

40 VWIKLFTCST SSNSAAVGRG VRRSRRKCRR PDGTSSRVSH SSRKPLFKTV VRTLHLPRK 60  
SSLSKSLSKT STSSWPGTD VTITSKTSFQ RGLRSSRTTW LRKLRPANFS LT 112

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 451

- 45 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 451:

10

FFFFFFVETGF RHVDETGLEL LASSDLPPQL LKVLGLYRHE PLSLALKRFS QRPSVR 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 452

15 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 452:

30

IRFGISCPGP GISLQEPLPL CWRHSFRIRR RREKRKCKGG RSFPGRITISV THMDPR 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 453

35

(A) LÄNGE: 57 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 453:

VTEMVRPGKD LPPLHFLFSL LLLILKLCLQ QRGRGSCREI PGPGQEMP NL IYLTEGL 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 454

- 5 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 454:

20

ILAFWRAAPL WHHQTLLCFP STWNSSNIRG CEGLAILLSW VHVSDRNGAA WERSPSFTFS60  
LLPPPPYSKT VPPTGQGLL 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 455

25

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 455:

ARLPLLAAED RGQPGSVKDP KMAGRKLALK TIDWVAF AEI IPQNQKAIAS SLKSWNETLT 60  
SRLAALPENP PAIDWAYYKA NVAKAGLVDD FEKKFNALKV VVPEDKYTAQ VDAEEKEDVK120  
SCAEWVSLSK ARIVEYEKEM EKMKNLIPFD QMTIEDLNEA FPETKLDK KK YPYWPHQPIE180  
45 NL 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 456

- 50 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel



(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 456:

15 AQSIAGGFSG KANLEVRVS FQDFRELAMA FWFWMISAK ATQSMVFRAS FRPAILGSFT60  
DPGCPRSSAA SNGSRA 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 457

20 (A) LÄNGE: 104 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 457:

35 CPECVIQGPE LPPGLNFINS QLVGEANRDT FSCLIWFLGK LHSSPQWSSD QMELSSSSSP 60  
SLSHILQSWP LRETPTQHKI SHLLFLRHPP GQYIYPLARE PSAH 104

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 458

40 (A) LÄNGE: 223 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 458:

5 RGAGGHQGES GRPEGWPPPF LHPRGRFQVP WLESVLIVVS NNIDEEALAR LAQEGSEVNV 60  
IGIGTSVVTG PQQPSLGGVY KLVAVGGQPR MKLTEDPEKQ TLPGSKAAFR LLGSDGSPLM120  
DMLQLAEEPV PQAGQELRVW PPGAQEPCTV RPAQVEPLL R LCLQQGQLCE PLPSLAESRA180  
LAQLSLSRLS PEHRRRLSPA QYQVVLSERL QALVNSLCAG QSP 223

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 459

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 459:

VIRVVSSQPR SESQGDCAH RLFTRACSLD DSTTWYCAGL RSRLCSGLSR LRDSWAKALD 60  
SARDGSGSHS CPCWRQSRSS GSTWAGLTVQ GSWAPGGHTL SSCPACGTGS SANCSMSMSG120  
30 DPSEPRSRKA ALLPGNVCFS GSSVSFIRGW PPTATSL 157

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 460

(A) LÄNGE: 93 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 460:

50 PPLFPHLLFL WGKVSDDCCF QSAPLRVSGG LPRTQTVHQG LQPLGQHHLV LCRAPQPPVL60  
RAESAQQQLG QGSRLCQWE RLTQLSLLEA EPQ 93

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 461

- 5 (A) LÄNGE: 328 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 461:

20 FSLILCKHSI GDRKNYASAK LSELLPEEVE AEVKAAAEIS MGTEVSEEDI CNILHLCTQV 60  
 IEISEYRTQL YEYLQNRMM IAPNVTVMVG ELVGARLIAH AGSLNLAKH AASTVQILGA120  
 EKALFRALKS RRDPKYGLI YHASLVGQTS PKHKGKISRM LAAKTVLAIR YDAFGEDSSS180  
 AMGVENRAKL EARLRTLEDR GIRKISGTGK ALAKTEKYEH KSEVKTYDPS GDSTLPTCSK240  
 KRKIEQVDKE DEITEKKAKK AKIKVKVEEE EEEKVAEEEE TSVKKKKKRG KKKHIKEEPL300  
 25 SEEEPCTSTA IASPEKKKKK KKKRENED 328

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 462

- 30 (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 462:

45 YNRNSELLIL VLSLFFLFL FLWTSNCCAG TWFFLRKWFF LNVFLFTPFL LLLHRCFFFF 60  
 CHEFFFLFFN FNFNLGFFGF LFSNFILFIY LEYFAFFRTG WKCGVTRRIV SLHFTFVFIF120  
 FCFC 124

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 463

- 50 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 463:

15 SSFSLFFFFFF FFFSGLAIAV LVHGSSSESG SSLMCFLLPL FFFFTDVSS SSATFSSSSS 60  
STLTLLAFL AFFSVISSSL STCSILRFLE QVGSVESPEG S 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 464

(A) LÄNGE: 427 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 464:

GGSSRRHGGG YAAVALLVLL LLGPGGWCLA EPPRDSLREE LVITPLPSGD VAATFQFRTR 60  
WDSELQREGV SHYRLFPKAL GQLISKYSLR ELHLSFTQGF WRTRYWGPPF LQAPSGAELW120  
VWFQDPTVDV DKSWKELSNV LSGIFCASLN FIDSTNTVTP TASFKPLGLA NTDHYFLRY180  
40 AVLPREVVCT ENLTPWKLL PCSSKAGLSV LLKADRLFHT SYHSQAVHIR PVCRNARCTS240  
ISWELRQTLS VVFDAFITGQ GKKDWSLFRM FSRTLTEPCP LASESRVYVD ITTYNQDNET300  
LEVHPPPTTT YQDVILGTRK TYAIYDLLDT AMINNSRNLN IQLKWKRPPE NEAPPVPFLH360  
AQRYVSGYGL QKGELSTLLY NTHPYRAFPV LLLDTVPWYL RLLHPLPACP GPAATPPPGD420  
45 ADSAAGQ 427

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 465

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 465:

SPSILYGSCT CHSHKAFGGP DTGGHPSCR P HQVQSCGSGS KTLSLMWINL GRSSVMSSQG 60  
SSAPLSTST PPTQSLPLPP SNPWVWPM TL TTTFCAMLCC RGRWSAPKTS PPGRSSCPVV120  
PRQASLCC 128

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 466

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 466:

35

PQAWRRLCRC CSARPVAPGA RRLVPCRTPT RQPAGGTCHH PAAFRGRSRH IPVPHALGFG 60  
ASAGRSVPLQ ALSQSPGAAD LQVFSTGAAP VIHTRLLEDP ILGATLPAGP IRCRAVGLVP120  
RHCH 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 467

40

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 467:

5 FLHKTHNRAV EEAKEPFLCL CSRTERGPLA SVSLLVLPGL YQALRRGMET PHSGAWLGEG 60  
EAAGVLWASR GYNLSSLGNV CPFVGSSEPTR RGTQLYTGTI CVWSVL 106

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 468

10 (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 468:

25 ISTKQTTTHRL SQCKVESPDV SDYCLQMDTR SPESSDYTLE KPKEPLPPPL PQARPQSGAF 60  
PYPASRPGTV REEPAGSRWP EGLSQSYIRG IKRAPLLPPQ PCCESCAGIN LRNSPEAETG120  
LMPWERSECE PMAPSLLGTN LPKYVKAEGD RDLAEGRKSF SSRN 164

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 469

30 (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 469:

45 EIRGRPPLFM PPLSCVDEFL QNRPHTDCPS VKLSPTTCRT TAYKWTHVPQ RAQIIPSRSP 60  
KNPCRLPFPK PGPRVGRFHT PPQGLVQSGK NQQAHAQRA SLSPTTEA 108

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 470

- (A) LÄNGE: 317 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 470:

NMVDYYEVLG VQRHASPEDI KKAYRKLALK WHPDKNPENK EEAERKFKQV AEAYEVLSDA 60  
KKRDIYDKYG KEGLNGGGGG GSHFDSPFEE GFTRNPDDV FREFFGGRDP FSFDFFEDPF120  
EDFFGNRRGP RGSRSRGTGS FFSAFSGFPS FGSGFSSFDI GFTSFGSLGH GGLTSFSSTS180  
FGGSGMGNFK SISTSTKMVN GRKITTKRIV ENGQERVEVE EDGQLKSLTI NGVADDDALA240  
EERMRRGQNA LPAQPAGLRP PKPPRPASLL RHAPHCLSEE EGEQDRPGAP GPWDPLGVR300  
RIERRWQEEE AEAERGV 317

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 471

- (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 471:

SMPLVQLPSS FKLLSLLLLL PLATFFQSCC GRRGGPRARV PQVGPARPPP QRDSEARVSA 60  
ARQAGAASAG GGRQAGLAGR SGLSACAPQR GHRRRPHHLL LRTLTHLLQ LLLFLDRSRQ120  
FSL 123

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 472

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 472:

KIRSNQCLWS NFLPPSNSSL CFCFFLLPPS FNPAADAEGV PGP GCPRSVL LALLLRETVR 60  
RVSQQRGRFG RLRRAEAGRL GWQGVLASPH ALLSEGIVVG HTIYC 105

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 473

(A) LÄNGE: 159 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 473:

IVSERSLRSL WTAHWALPEM DSRIPLYDDYP VVFLPAYENP PAWIPPHERV HHPDYNNELT 60  
QFLPRITITLK KPPGAQLGFN IRGGKASQLG IFISKVIPDS DAHRAGLQEG DQVLAVNDVD120  
FQDIEHSAV EILKTAREIS MRVRFPPYNY HRQKERTVH 159

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 474

40

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH



:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 474:

5 PPTGRPPPF FFFFFFFSV FYFLGERLGG GRGENSVSLE SQKCMNLLVV QGWDKMAREV60  
 RWKIPKILFA TDFYN 75

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 475

10 (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 475:

25 LGGLSSSDVK SQLSSRRLQ CDGSGQKLQ LIVVVRVYP LMRRNPCWRI LIGRQENHRV60  
 VIIRNPAVHL GQGPVGSPQR PQTPLTNSV WEPEADA 97

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 476

30 (A) LÄNGE: 274 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 476:

50 GHLWRPAGGR LPRHHDQVCR AAEPHRGGGL CGHQRRLPHR PRVQEGWGLC PHESLHQVPA 60  
 DRPWHEPGAG CAADCEDPHR RPGACEPGAP PAARAAGLGR GTRHGNGDIL SFEDANRAMQ120  
 TGVGTGIMAR GALLKPWLFT EIKEQRHWDI SSSERLDILR DFTNYGLEHW GSDTQGVK180  
 RRFLLEWLSF LCRYDPVGLL ERLPQRINER PPYYLGRDYL ETLMASQKAA DWIRISEMLL240  
 GPVPPTSPSC RSTRPRTSS LRLSQGHPGA RRVQ 274

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 477

- 5 (A) LÄNGE: 256 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 477:

20 AGPAPVQPGP HTRCRCPRGH GSRGRSQAGK LWCPAGPRRP GTSTPPSSPV RTCGFLTDED 60  
VVRLRPCEKK RLDIRGKLYL APLTTCGNLP FRRICKRFGA DVTGEMAVC TNLLQGQMSE120  
WALLKRHQCE DIFGVQLEGA FPDMTKCAE LLSRTVEVDF VDINVGCPID LVYKKGGA180  
LMNRSTKFQQ IVRGMNQVLD VPLTVKIRTG VQERVNLAHR LLPELRDWGV ALVTEMGTSC240  
25 HLRMPTAPCR LVSPGS 256

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 478

- 30 (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 478:

45 NLLYSPRPRV PLGKPEATCT RWPCASARRR GGGHWPKEHL ADADPVGCLL AGHQRLQVVA 60  
AQVVGRLVD PLWEPLQQPH GIVPAQEGQP LEQKAPGLLH ALRVRAVLQ AVVGEVPQDV120  
QALGRDVPV PLLLDLREEP RLEQGATGNH DPGDTS LHGA VGILK 165

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 479

- 50 (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 479:

15 GSPMSPARAM QTLFVPEHGD HGAGVCSDDH HRGGHVPAEP LQAVCTVLHQ PAQPGAEERR 60  
CPVLRMPVA SETQCQATES QSRSLTPRLG PPTAWPCALR PAERFPPLPA QCLLHVQLQT120  
LFVPEHGDHG AGVCSDDHHR GGHVPAEPLQ AVCTVLHQPA QPGAEERRCP VLRRMPVALG180  
EHSVRQRNPR AAGLRPASAH RPPGRAALRP AGALPPLPAH LSVPAARDRP AAHHLAVRRG240  
20 GAPTLPGLD LQSGSGPRGV GN 262

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 480

(A) LÄNGE: 270 Aminosäuren

25

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 480:

40 AAQCLLHVQC KRSLFQSMEI TELEFVQIII IVVVTCLLSH YKLSARFIS RHSQRRRED 60  
ALSSEGCLWP RRHSVRQNP RAAVLRPASA HRPPGRAPFA QRSVFHRCQP NVSCTCNCKR120  
SLFQSMEITE LEFVQIIIV VVTCLLSHYK LSARSFISRH SQGRRREDAL SSEGCLWPSE180  
STVSGNGIPE PQVYAPRPT DRLAVPPFAQ RERFHRFQPT YPYLQHEIDL PPTISLSDGE240  
45 EPPPYQGPWT FKVRDPEEL EIERGLGAET 270

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 481

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren

50

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 481:

ATTSC LHGPS SAGTARGGGE KMPCPQKDAC GPRRAQCQAT ESQSRRSTPR LGPPTAWPCR 60  
PSPSGSASTA SSPPIRTCST RSTCRPPSRC QTGRSPHPTR APGPSRFGTP RRSWKLNWDW120  
VRRP 124

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 482

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 482:

35

RVLVSPLSL S MWRWKVEKDT VSILKLLRFS ERGRHLNRQV GFSVLSALGI WREMGLLSLC60  
TQEGHALKTV FVDQRRLYST GGIQMSLRGR EETWQADYI 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 483

(A) LÄNGE: 104 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 483:

5 VLEEEKKHGK QITSEPFELC FSFFPCLFSK IYLNLETQDI FLGNLLPMSE VASAASRQIP 60  
GNPEPQNVIP PGSAWPDVPL SAGFTYQSHS SFSINTPKSS PNHH 104

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 484

10 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 484:

25 KLDSTQCRPS LHTNMYVLLS ECHLLCTQCH DSKIKISVSN QNINQARNSW AQRGVRGLSY 60  
TAVKQPTCSA HSQAESDWSC RQRGGGRVLC CPLLCMVSWV FQGGQLLSPN KTVNSLRTGP120  
LPH 123

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 485

35 (A) LÄNGE: 303 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 485:

50 LGRKPSWVG AGLEPSQGS LSHHPAPQSD SAPTSPPIPG EPGPQREVSK WGGSLGRPES 60  
SGHPGRTPAT CCHCAAVMAR SGSATPPARA PGAPPRSPPO RLVQDVSGPL RELRPRLCHL120  
RKGPQGYGFN LHSDKSRPGQ YIRSVDPGSP AARSGLRAQD RLIEVNGQNV EGLRHAEVVA180  
SIKAREDEAR LLVVDPETDE HFKRLRVTP TEEHVEGPLPS PVTNGTSPAQ LNGGSACSSR240  
SDLPGSDKDT EDGSAWKQDP FQESGLHLSP TAAEAKEKAR AMRVNKRAPO MDWNRKREIF300  
SNF 303

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 486

- 5 (A) LÄNGE: 149 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 486:

20 APRRRPRRRR LEPCESTSR HRWTGTGSVK SSATSEPLPA CLGTLGPLPH GPWASACPEL 60  
PQPQWTGGWS CHCPEISPPS GEPPSCPCPP GTGGLWQQDR GRETQRCERE SETETERERE120  
RHRERQRESE RARGSRGARA FAALPGPAD 149

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 487

- 25 (A) LÄNGE: 217 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 487:

FLNGRRTTLQ STEAGGARGR LRPKVRAGGV PGSRDRQEGA QKLLKISRFL FQSICGARLL 60  
TRMARAFSLA SAAVGLRWRP LSWKGSCFQA LPSSVSLSEP GRSLRDEHAE PPLSWAGLVP120  
LVTGDGRGPS TCSSVGVTRS RLKCSSVSGS TTSSRASSSR ALMLATTSAW RSPSTFCPFT180  
45 SMSRSWARRP ERAAGEPGST ERMYPGRDL SLCRLNP 217

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 488

- 50 (A) LÄNGE: 298 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 488:

15 EIRAVGGGVC VDGMPGEG LGRCSHALIR GVPESLASGE GAGAGLPALD LAKAQREHGV 60  
LGGKLRQRLG LQLELPPEE SLPLGPLLGD TAVIQGDTAL ITRPWSPARR PEVDGVRKAL120  
QDLGLRIVEI GDENATLDGT DVLFTGREFF VGLSKWTNHR GAEIVADTFR DFAVSTVPVS180  
GPSHLRGLCG MGGPRTVVAG SSDAAQKAVR AMAVLTDHPY ASLTLPDDAA ADCLFLRPGL240  
PGVPPFLLHR GGGDLPNSQE ALQKLSDVTL VPVSCSELEK AGAGLSSLCL VLSTRPHS 298

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 489

(A) LÄNGE: 175 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 489:

40 AGHRYQGDIR ELLQCLLAVG QIPTSTVQEE RGHTRQPRTK KETVSSCVIW EGQGGIWWIC 60  
QHCHCPDSSL GSVAACHNS ARSPHAAETA QVGGTRDWHS GDGEVPERVR HDLSSSVIGP120  
FGEAYEKLPA GEENVSAIQ RVLVSYPHNS EPQVLQGFAD SIDLWPTSGA PGPRD 175

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 490

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 490:

LGPCPLGSRP CRQAAVPAAM TPQVAVLA AV PVVASVYLP APRAPFELWP DPEREGQPPH 60  
LPPTPGSLGL PGSGHGSSGP APFPASPSHP HRLPLQPLGF LSFLVSSPVS SGHPHSCRAV120  
10 ISAGAPPPED RVGGEGSPRL QASGTGSSGF 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 491

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 491:

30 FVKRTKQPRQ TLDAPCSALR LWGRCLLGEA VAQGVHCEAG PVDSAGGIHL ASGCLVSVYS60  
DIAFCCHLSC GQRGVSWHEN IFFKCGSF 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 492

35 (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 492:

50

LTHLLFEKCL LPSLGLITKF DHDHIVVSQS ALEIVSGLHE VAMGVWSTLK LYQSCTYFQT60  
FLK 63



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 493

- 5 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 493:

20 DGSRLCHYI QKQDNKLNG CPLQSQVQP HSARPELQPL PKGIFPTAST PSKEHQGFVS60  
VVLFFLQTID IYS 73

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 494

- 25 (A) LÄNGE: 318 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 494:

40 KCATFWSFPR RQGGLGIAIS EEDTLSGVII KSLTEHGVAA TDGRLKVG DQ ILAVDDEIVV 60  
GYPIEKFISL LKTAKMTVKL TIHAENPDSQ AVPSAAGAAS GEKKNSSQSL MVPQSGSPEP120  
ESIRNTSRSS TPAIFASDPA TCPIIPGCET TIEISKGR TG LGLSIVGGSD TLLGAI IHE180  
VYEEGAACKD GRLWAGDQIL EVNGIDLRKA THDEAINVLR QTPQVRVRLTL YRDEAPYKEE240  
45 EVCDTLTIEL QKKPGKGLGL SIVGKRNDTG VEVSDIVKGG IADADGR LMQ GDQILMVNGE300  
DVRNATQEAV AVWIKVFP 318

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 495

- 50 (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 495:

15 SAFAEMGSDH TQSSASKISQ DVDKEDEFGY SWKNIRERYG TLTGELHMIE LEKGHSGGL 60  
SLAGNKDRSR MSVFIVGIDP NGAAGKDGR L QIADELLEIN GQILYGRSHQ NASSIIKCAP120  
SKVKIIFIRN KDAVNQMAVC PGNAVEPLPS NSENLOKNET EPTVTTSDAA VDLSSFKNVQ180  
HSGASQGGRG VVWLLSAKKI HSESS 206

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 496

(A) LÄNGE: 119 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 496:

TSWIIMAPSS VSEPPTMLRP SPVRPLEISM VVSQPGIMGQ VAGSEAKIAG VDDLLVFRMD 60  
SGSGEPDCGT IRDWELFFFS PLAAPAAEGT AWESGFSAWM VSFTVIFAVF RRLINFSIG 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 497

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 497:

10

SAPSLTKCRS THVYPLSLIM FMSGGSSRST LRRMVPTPST TSLSPRSSSS TSKLLTQSGP60  
SLPQPPASRP F 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 498

15

(A) LÄNGE: 139 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 498:  
SRSPACGASE HGDGAMSLIC SISNEVPEHP CVSPVSNHVV ERRLEKYIA ENGTDPINNQ 60  
PLSEELIDDI KVAHPIRKP PSATSIPAIL KALQDEWDAV MLHSFTLRQS CRQPAKSCHT120  
LCTSTMPPAV SLPVSPRKL 139

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 499

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 499:

TTGRERGCPR CAGLFYCFLE LMKLDHCLQN PAQALLPIPF TVSLVRRAMT RQAASCWYRA60

CDSSWRVCS SGAE

74

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 500

- 5 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 500:

20

FSFFNETRSL LTKPCTSPPA HPLHSSLGSA SPVSQELQQN GCGTATTTSI ERQEGRGAVG60  
LVQGFFIVFF F 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 501

25

- (A) LÄNGE: 284 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 501:

EARGLATRTR SGAAAHAGDR FTDADDVAIL TYVKENARSP SSVTGNALWK AMEKSSLTQH 60  
SWQSLKDRYL KHLRGQEHKY LLGDAPVSPS SQKLKRKAE DPEAADSGEP QNKRTPDLP120  
EEYVKKEIQE NEEAVKKMLV EATREFEEVV VDESPPDFEI HITMCDDPP TPEEDSETQP180  
45 DEEEEEEEK VSQPEVGAAI KIIROLMEKF NLDLSTVTQA FLKNSGELEA TSAFLASGQR240  
ADGYPIWSRQ DDIDLQKDDE DTREALVKKF GAQNVARRIE FRKK 284

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 502

- 50 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 502:

15

ETFSSSSSSS SSGCVSESSS GVGGSSSHIV ICISKSGGLS STTSSNSRV ASTSIFLTAS 60  
SFSWISSFTY SSSGKSGVLL FCGSPLSAAS GSSSAFRLSF WEEGLTGASP SRYLCSWPRR120  
CLR 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 503

20

(A) LÄNGE: 175 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 503:

40

VFLRCGWIII THSYMYFKIR RALIHNNLLK LPGGFHKHLF DCFILLDFF LHILFFRQIW 60  
SSLILWFPAI RGLRVLLRLP LELLGGGAHR RVPQQVLMML APQVLEVAVL QGLPRVLRER120  
ALLHRFPQGV TGDGAGRAGI FLHVGKDGIV VRIREAIARV RCRSAPRARR QAPGF 175

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 504

45

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 504:

CPPEKSLQMF QPLSSPDSHR KGTGFGLGIV FSLTFFKRRM WPLAFGSGMG LGMAYSNCQH60  
DFQAPYLLHG KYVKEQEQ 78

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 505

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 504:

SKTSTLPVAI WTRQRLEHLQ GFLGWTISITR ILSSRPHPD TGPTSCRAFT QTCSPAPP60  
FLSAGPRAPT PESLARAGNK SQVRKAGADA PDIAR 95

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 506

(A) LÄNGE: 156 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 506:

AIPNPMPEPK ANGHILLKK VSEKTIPNPK PVPFLWLSGL DRGWNICRDF SGGHQLPGFY 60  
LHDIRIQTPV PLPAELRLRH VPHPRLQLSS RPAPALRPLK VSRELETSPR SGRQAQTLQI120  
SRDDPLLPSL PVFSVGRQGD AVVWRLEVTL TLGCAY 156

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 507

5 (A) LÄNGE: 169 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 507:

20 AASGMLGSWP ARTFHGACV SRRPSAPWKH TASGKDSPDL RFSEHGVSQE FWAGGLVAVL 60  
EMTPSPSPWG TQEGPAGMCS LWVVGWPCPCR GAGVRDLVLV HAGVWCKHVC AVQRDACGES120  
RTPAPPRKGG AVTSVLCLFL IKTFPLFSYK FASCKQVHKD PPLVKSGFE 169

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 508

30 (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 508:

45 TQNTGNRSFAF PGWRWCAALS TRVSLYSTYM FTPHTCVDEH QITHPSSTTG TPADYPQAAH 60  
SGRALLGAPR GGARGHLQHC HQAASPEFLG NTVLGKPKVR AVLPRGRVLP GCGGPAADTG120  
PRVEGPGRPA SKHARRSLGE PGSVASSLLS LRSPI 155

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 509

50 (A) LÄNGE: 148 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 509:

15 ENRGNVLIKN KHKTLVTAPP FLGGAGVRLS PHASLCTAHT CLHHTPAWTS TRSRTPAPRQ 60  
GHQPTTHRLH IPAGPSWVPH GEGLGVISS ATRPPAQNSW ETPCSENRRS GLSFPEAVCF120  
QGAEGRRLTQ APGWKVLAGQ LPSMPDAA 148

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 510

20 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 510:

35 NAYISGYERD FMTIQSNITL ADRETEVFHD LPSLPASLRQ NWIPTLVFFL PFTSFSLLYN60  
VLRDQNSHQN RLFLR 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 511

40 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:



(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 511:

5

FRDTEGLLAL MTFWMGLQLM TILILEERTL LIFSPIALLR RSTSYSESLH IPLVFLQAPE60  
PLVQMLY 67

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 512

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 512:

IFFFFFFFF PLRHLFNNCR NPKELASNLE VVSEAAGWLD WAQPLSCLNR PRNGIMMTMR 60  
TSILSSSHCV YYVFSFNKAF VPMALDELGGR LKECVVILSK M 101

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 513

35

(A) LÄNGE: 179 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 513:

50

FGTMGGISDP DTLHIWKTNS LPLRFVWNIL KNPQFVFDID KTDHIDACLS VIAQAFIDAC 60  
SISDLQLGKD SPTNKLLYAK EIPEYRKIVQ RYYKQIQDMT PLSEQEMNAH LAEESRKYQN120

EFNTNVAMAE IYKYAKRYRP QIMAALEANP TARRTQLQHK FEQVVALMED NIYECYSEA 179

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 514

- 5 (A) LÄNGE: 179 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 514:

20

DRGAPALTPG HLHPLPPVPR SVSGMEAREL VRLPHLPSTA CTVPTHLLHN VQLVLLPRAP 60  
CIQAAKHKLQ ERRPPARRLO PRNSTSSTLV QGALLELTFD WFLQLPKCY LHFPLTRRGS120  
WPQTVSSSVR FLLLGRLLE WAVPAPWGAL WASPGAGRVE GRDGGHRSWE PRLQEKERG 179

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 515

- (A) LÄNGE: 200 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 515:

SGDRWEGMEV PRGQGGGAPV SESSPSSCP RPSRLCSVFPS LSHRHGVEDQ VEAQWASISP 60  
SSSLTNSPCV SGLTVALVDV VLHQSHHLLK LVLQLCPPGR GVGLQRGHDL RPIPLGVLIN120  
45 LCHGHIGVEL ILVFPRLGQ MGIHLLAER RHVLDLLVVA LHDLPVLRNL LGVEELVGWR180  
ILAQLQVRDG AGVDEGLRDD 200

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 516

50

- (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 516:

15

TSMEALLFRL FKLPAATLRC IGLRRPLVTH TLRRKCEHKA SRLCHGGCCC TLEPCVGRHR 60  
DWDLERGKSS AKTGGEHGR RTAAARGGSE RPVLGHRRRD PDAGGLRGQD GEALQHRGWH120  
IPGSETLPGR GGHVPWPRPG RRHPHMC GF WDSQSLA 157

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 517

(A) LÄNGE: 401 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 517:

40

RTRCAGSVNT KPPGFVMAAA AARWNHVWVG TETGILKGVN LQRKQANFT AGGQPRREEA 60  
VSALCWGTGG ETQMLVGCAD RTVKHFSTED GIFQGQRHCP GGEGMFRGLA QADGTLITCV120  
DSGILRVWHD KDKDTSSDPL LELRVGPGVC RMRQDPAHPH VVATGGKENA LKIWDLQGSE180  
EPVFRAKNVR NDWDLRVPI WDQDIQFLPG SQKLVTCTGY HQVRVYDPAS PQRRPVLETT240  
YGEYPLTAMT LTPGNSVIV GNTHGQLAEI DLRQGRLLGC LKGLAGSVRG LQCHPSKPLL300  
ASCGLDRVLR IHRIQNPRGL EHKVYLKSQL NCLLLSGRDN WEDEPQEPQE PNKVPLEDTE360  
TDELWASLEA AAKRKL SGL E QPQ GALQTRR RKKKRP GSTS P 401

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 518

(A) LÄNGE: 222 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

50

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 518:

SWEKLYVLVP DGNPQVQPI PHVLGPEHRF LRALQVPYLQ SILFPTCGNH MGVCWVLAHP 60  
THPRAHSQFQ EWVRGCVLVL VMPDSENPRI HTCDEGAVGL GEATEHALPA RAVSLTLEYA120  
ILGAEVLHRP VRAAHQHLGL AAGAPTQGAH CLLAPRLSSG REVRRLFSK IYPFQDPSLG180  
15 ADPHMVPACS SSRHDKAWRL CVHTSGAACA SPAGVEVRCT AV 222

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 519

20

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 519:

35

DPRPVSLTL ALLPRCHFLS SSVKYRLHIL SLNASTICVT PKDFWDFDET CEGEDTEKPV60  
ICKHLLLFPH HLWDISAVVS KWQIIN 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 520

40

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 520:

5 ISSVNYHMTI QAQYKLGHCI LCGWISVAVF LTSPKKTSCR AELLVQAPDN DAPDFAFWGL60  
SLLLSHFLKL FAWPWHH 77

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 521

10 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 521:

25 CGNKSCKLQI TGFSVSSPSQ VSSKSQKSLG VTQIVLALSD KMCSLYLTEE ERKWHLGSSA60  
RVSKETGLGS Q 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 528

30 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 528:

45 LTYLFFFFFF FFLGRSLGFI RSVGTLFRSE APPSHGVGDS GGRGNPSEHP GGCVVSMYFA 60  
LPHLFHGVPC QGQALICGEG SKQRRRPFRG GERAVAPRTP SPAHDIPEKE TKIKPRGLST120

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 529

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 529:

PLLKGGKLSA ALTNLSFFFF FFFFGKKPW LYSLCGDTVP FRGPSQPWGG GQWWAWESQR60  
ASWRVRLHV FCSSPSFPWG PLPGSSTNMW 90

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 530

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 530:

NKAPGPFYVG APLKYGMVVG REAVAQQSLs PDYQLWGGFQ GARSRLGSSS HRHVGGGRKY60  
LQGGTVSEEQ DGRGFSACYG ILFKEMGVKP GTVAHA 96

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 531

- (A) LÄNGE: 497 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 531:

TPALVQRFRE GGSGAPEQAE CVELLLALGE PAELCEEFL AHARGRLEKE LRNLEAELGP 60  
SPPAPDVLEF TDHGSGGFVG GLCQVAAAYQ ELFAAQGPAG AEKLAARQ LGSRYFALVE120  
10 RRLAQEQGGG DNSLLVRALD RFHRRLRAPG ALLAAAGLAD AATEIVERVA RERLGHHLQG180  
LRAAFLGCLT DVRQALAAPR VAGKEGPGLA ELLANVASSI LSHIKASLAA VHLFTAKEVS240  
FSNKPYFRGE FCSQGVREGL IVGFVHSMCQ TAQSFCDSPG EKGATPPAL LLLSRLCLD300  
YETATISYIL TLTDEQFLVQ DQFPVTPVST LCAEARETAR RLLTHYVKVQ GLVISQMLRK360  
SVETRDWLST LEPRNVRAVM KRVVEDTTAI DVQVGLLYEE GVRKAQSSDS SKRTFSVYSS420  
15 SRQQGRYAPS YTPSAPMDTN LLSNIQKLF5 ERIDVFPVE FNKVSFLTGI IKISLKTLAG480  
SVCGLRTFLA LCGLQQG 497

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 532

20 (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 532:

35

CGSGWSWPHW PATRPGQGGP SQPREVLPA GGRLSGSPGR PPGDPAGGGP GARGPLVPRS 60  
PWQRLRARQR PAGPREPASA GGSGPAPAPA VSCHHHAPAA PAAAPPAQNS GCPAAGRPP120  
ASRHLGPGP QTAPGRPPPP GRGRPRSHCL HGR 153

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 533

45 (A) LÄNGE: 221 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 533:

5

YDQALHLHV V GQQPPRRFP G LCTQRAHGRH WELILHQKLF ISESEDVGDG GRLVVQAEAG 60  
EQQEQRWCG TPLLPRVAE ALSRLAHRVD EAHDEALTD T LTAE LTP EVG LVGEGH LFGG120  
EKVHCCQRGL NVAQDGAGHI GQQLGQARAL LPSHARCCQR LADVCQAAQE GRPETLQVVA180  
QALAGHSFHD LRGSVCEPGS GQQGPGSPQA PVEAVQRPHQ Q 221

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 534

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 534:

PSILIPMTPG GFFSVMVRK TGSTHRCSPA VYPLMRRIPC WRILIGRQET TG 52

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 535

(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 535:

50

AGKKPPASHH KESGCPSRPS PTGHSTPPSD PLTDNSVW

38



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 536

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 536:

SGCVPSHEED SMLEDShRQA RNHRLVIIRN PVVHLGQAPL ATPHRPQIRS LTIQS 55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 537

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 537:

TRGPRKRLRR SGRRGGLRSW AGRERVLGTA LLGIYIVFPR IPGSGSEEAV TPYDRDLDS 60  
RNSPQAPAGQ STSSSFCFC DGLESRLKH TVSIDCIRFV QKPGQLTESH FLA 113

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 538

- (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 538:

EPADSQARGR QCLLLLHQVQ GIWLKACIFP GHKLPEPLKW EARQFQTNLF STHSTFKVC 60  
LLLLPVHPPS LQFFHSLTSE RVPGGSMVNK LTCMLQKKKK K 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 539

(A) LÄNGE: 198 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 539:

YSLCSQCVSA PLTLNRHRSR RKRKWWIAQL EPGDCYDCLD LCGHRASQPP QTLSLECGGT 60  
QCRFPGGGLSP RPSPCPPSSS GLLFYRFFLV SFLGLLFTG TAALGFLVTS ALLGSDGSAS120  
ASWDLGMGT MASTQMSWK APRKSPYRSR FSRKVGSGTS GGEKSRSEAM AQVACCLTSL180  
LTHHSLEPT APPRRSPR 198

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 540

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 540:

KKNSSALIFL EEAADFGCQI SLRNGHFLRC FFLTESVDKL IKRLSHFKIT PKSSSTVFFF 60  
FSFCFKITNQ VRSP TSSSMN SFVTELLSVC SPHCALNTVS AAPVCPLFRK ESIFNTFTIC120  
TPWNLHMLTS YYKPTHPLS SGTGHPL 147

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 541

- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 541:

KNDRFPWTSL PGLKGALIKL FTEHVAEKHI YGLMPLLEA QSTPFQVTPS TMANIVKGLY 60  
TLRPEWVQMA PTLFSKFIPN ILPPAVESEL SEYAAQDQKF QRELIQNGFT RGDQSRKRAG120  
25 DELAYNSSSA CASSRGYR 138

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 542

30

- (A) LÄNGE: 179 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 542:

45

KACIPSDQSG FRWLQLYFLN LFQTFSLRRW NLNFLNMLLK IRNFKENLYR MVLQGVTS PG 60  
RELGMSWLII ARQHVQVPGG TDSECIEYAF LPEKRTHWSC RDCIQSTVGA AHTQELCHKA120  
VHGRGCWTSY LVCNFKTKTK KKKNSAARLG GDFEMGQSFN EFIYRFCEEK ASQKVTISK 179

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 543

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 543:

IQFLEAAFAV FLHCMRFGNE CRNLLWAFTF LCQFGFYCLN LMLTWRGDGG QCCCGASSES60  
VCGELCCADV AVGGQVRGSA PSWKKSLRV YV 92

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 544

- (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 544:

KPNWHRKVNA HSKFLHSFPN RIQCKKTAKA ASRNCIYWPL PEQQAAMPAP WPELDACCA60  
DVLTLMRMLG YGSDSEEIHL SYSSLERSSC VFNMKHFIW 99

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 545

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 545:

QSQNTKVFPV IRIYTDPLTK VLLIMQFASS PSSWLGSPI WHDHIKRTPS DMISSKKVPS60  
LLPDHQRP HQ HNTTLRIQIH CWP HNSTVPH LLSRSA 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 546

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 546:

GRDAGQSEPW LSTSGCCAWG GCAPGARGCW GPGPPSLGVG RKP GCRVSAS SVPERWIAWS 60  
PRPSEASATF RGAPKSILTA RLWASAWRPQ HRGSQNERPW SSSMKTSG 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 547

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 547:

PGRRAKRAMA VYVGMLRLGR LCAGSSGVLG ARAALSRSWQ EARLQGVRF L SSREVD RMVS 60  
TPIGGLSYVQ GCTKKHLNSK TVGQCLETTA QRVPEREALV VLHEDVRLTF AQLKEEW 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 548

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 548:

PLLLELGKGQ PDVFMEDDQG LSFWDPLCCG LQALAHSLAV KMLFGAPLNV AEASDGRGDH 60  
AIHLSGTEEA DTLQPGFLPT PREGGPGPQH PRAPGAQPPQ AQHPDVDSHG SLCPASR 117

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 549

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 549:

RLSGPAANPR GAAGWRAAGA QELGMSYKPM RPWLPSSTPW SARHPLGPGA PRFPDREACA60  
CAVRGCSV 68

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 550

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 550:

10 GHCSFARRTR TPPCQGTGVP RAPGGAWQTR GCCWAARGAW VCRSPTPGR QRHASRPLL60  
GWLGRSA 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 551

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 551:

30 DTAAPHGARA RLPVREPGCP GPQGVPRPG GAAGQPGAHG FVGHPQLLGA SGTPAGRSSG60  
VGCGAAQP 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 552

35 (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 552:

50

SPISITETQQ FSNLIHTIT CLLRMALYLF SL

32

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 553

- 5 (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 553:

20 ITLQPISQNM FLLLNTQLF YLCVLFMPDH QYQ 33

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 554

- 25 (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 554:

40 SFYFGWSHYN ENKYNAILNR QVMVCIKLL NCCVSVIDIG DQA 43

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 555

- 45 (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 555:

10 CFTHWNVFPR LWMTSFLMER VQEGWKTPGF KLSIPHMGFS IIFRPEAARP EVRLHLSALF60  
VLLLATLGFL LGTMCGCGMC EQKGG 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 556

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren

15

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 556:

30 FNDGKTWQLK KTLVTNGGFL LFFPHPPFCS HMPQPHMVPS RNPKVARSSST KRADKCRRTS 60  
GRAASGLKMI EKPMWGM LSL NPGVFHPSWT LSIRKEVIHN RGKTFQ 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 557

35

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 557:

50

NINYIEIIFL FLLISPLGP HRLSPAQLAQ LAQLAHSPQV SRRHRALTMV GWHGVSNVAN 60  
SSHHPHPHSP SQRPLVVGPA VFQKGLTCTN LRQTYAPFSV SLASPSWED 109

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 558

5 (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 558:

20 LGIFVAYRNQ LGVPSLMRCS WKAIYARGGF Tfvappfidp SAFKKLECEN

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 559

25 (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 559:

40 FRLPFLTWHF CSLQEPAWCT FSYEMQLESH LCKRWFHFCR SSIH

44

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 560

45 (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 560:

10 RVNEWRSKDS ETTSCINGFP AASHKRRYTK LVPVSYKNAK LRMGV

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 561

(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 561:

30 MRSRLPCEGL VARHPRELRV PSVRFWIDWP WVLT

34

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 562

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 562:

50 VSTHGQSIQK RTEGTRSSRG CRATSPSHGN RLLIQESFPQ NPPRARFQGH PLGRQSRQQP60  
FTEAMSQ

67

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 563

5 (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 563:

20 APMASQSRSA LRARVAHAGA VPPALHTAID SSFRNHFLKT HQGLGSKGTR 50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 564

25 (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 564:

40 YSIIFEQFFK CKSVSYSECV SEVIKDISQR YWPISLCNQR NSVSRLLLCV ICGS 54

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 565

45 (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 565:

10 CTMVNVNDTV SFLSSFLNVN LYLTQSVCLK LLRTFPNVTG PFPFVIRGIL FQDYCCV 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 566

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 566:

30 EKCQPHSLIL LWPFFNFIK SHRSHTTIIL KQNSSDYKKG WASNVGKCP 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 567

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 567:

50

GEGRVWNPEG SKSRHWPDHP APWAPSPRQE QLFSIPSQTS SIFITMTFRE VSQASSRCPT60

IPSGGKRQEN SPRVPVMLLS PSQFRLSRTS YLQP

94

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 568

- 5 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 568:

20

GLTLKKGTFP RGPEIQADPN LTPCSRTQAH RPLNSNPTSP PPPPTPDFLI SWNAFQDWKS60  
PQGSSEPILS PARISSMHPG HAFHISRNK 89

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 569

25

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

- 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 569:

DVLDSLNNWDG ESSMTGTRGE FSCLFPPEGI VGHLELAWET SLKVIVIKIE LVWEGMENS60  
SCLGLGAQGA GWSGQCLDLL PSGFHTRPS 89

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 570

- (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 570:

KSIAHSVIGY FHDFKWFYEE TESSDDVEVL TLKKFKGDLA YRRQEYQVEF NIWCLKWALV60  
LSVMAYVNNS VPS 73

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 571

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 571:

SADSQEIQRR PGLQTTTRVSG RIQHMVLEVG SCFISYGICK

40

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 572

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 572:

NKSPLQAPYV E FYLILLSSV GQVSFEFLES QHFNIIITAF C FFIKPLEIMK IAYYRVSYAF60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 573

5

- (A) LÄNGE: 318 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 573:

GNLSLES LCN LYNWRYKNLG NLPHVQLLPE FSTANAGLLY DFQLINVEDF QGVGESEPNP 60  
YFYQNLGEAE YVVALFMYMC LLGYPADKIS ILTTYNGQKH LIRDIINRRC GNNPLIGRPN120  
KVTTVDRFQG QQNDYILLSL VRTRAVGHLR DVRRLLVAMS RARLGLYIFA RVSLFQNCFE180  
25 LTPAFS QLTA RPLHLHIPT EPFPTTRKNG ERPSHEVQII KNMPQMANFV YNMYMHLIQT240  
THHYHQTL LQ LPPAMVEEGE EVQNQETELE TEEAMTVQA DIIPSPTDTS CRQETPAFER300  
ESRPGGEGAI ALGGLGCF 318

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 574

30

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 574:

KTPKPPQRNC PFPTGAALTL KGWSFLTAAG VCWTGYDVSL NSHGLFFCFQ LCFLILNFLT60  
LFYHSRW 67

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 575



- (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 575:

SLMIMMCSLY QMHVHVYKV CHLGHIFYYL YFMRWSLSIL SSSWERFCWN YMOMKGASCE 60  
LTESWSQFKT VLEEGYSGED IKSKSGSRHG HYQATDIPQM AHCPGSYQRK KNIVILLTLK120  
SINSCHLVWS SNQWIVSTSS IDDVANKMLL AIICC 155

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 576

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 576:

DHLGFISTKM RTNHGVRKGS LEEHKNLKAL GGYHYYISYF HRSDLAKLCI LSLLTFI 57

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 577

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 577:

FKFFLMTIFL QNFERKMCSF CCILCKKTAN RGKRTLQIKT ILVSFPQR

48

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 578

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 578:

LYFFKTLKEK CVLFAASFVR RLPTEEKGLY KLRPSWFHFH KDENKSWC

48

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 579

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 579:

GSFPNTMICS HLCGNETKMV LICKVLFP LL AVFLQRMQQK EHIFLSKF

48

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 580

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 580:

HCRIQLGLSP LVGREKTTQV MRNFYSFQEL EEQLLIKPHA LVTKYFYS

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 581

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 581:

IMPRAPLYRI PLNCNYVLLK SQLVKEELMV SVFVGNTCNT AEFYKGFLW WAGKKPLKS 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 582

- (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 582:

GTLRPRSSDV LPIYLCFTTC LLSLTPNIFT YFSNSACHKF AASP

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 583

10

(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 583:

NVDSCQTHSL ALIPPLLSSS DIVNNDKQLL CTECFMCCS HFIHMY

46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 584

30

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 584:

LYMCIKCEQH IKKHSVHSSC LSLLTISLLE RRGGIRARLC V

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 588

50

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 588:

GKPLVLHATP LSRCLPLHP TRSLILRPSL HLDPSFHHY LQRCSYYAPV YRGCPMTVP 60  
SQSNYSSGPK VWLSRAPLPR RGRPFQALPG WNCRRSLGC IVRPGVGVA LL 112

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 589

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 589:

GRSREAPAGW PKSTKPPSAR ENPWFSMPHL SPGALCLFTP QEALSYVLLS IYRTPVSITI 60  
SRDVAIMRPS TGGARR 76

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 590

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 590:

AGLDQKEELR GVRQHQHQGV RYTRGSSDTS SSPEGLGMAC HAGAMERVKA KPWDPKSNLT60  
AKAPSSSGTP CRRAHNSYIS GDS DGNWGPI DGEKDVG 97

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 591

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 591:

NGARLTSQPQ LYQRNHFIQI SQHFQRNTNV YGRVNIRSEN PLEEISVSMF IISAFRGLPV60  
WAK 63

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 592

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 592:

50

NGSFGTVGAV MSTWLHKNP YEIFTVKFNY TCVTADFGGR QGLGLPFYLS

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 593

(A) LÄNGE: 55 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 593:

AYLFIFLKGK NTFTFSSPE AQTLLYLTTT QLTPLCDHQC GVVRLKDDSG HMTSL 55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 594

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 594:

SGDVCTESHG GLSRVKEKEQ QELSLGRWRR GGIDQARPWP W 41

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 595

(A) LÄNGE: 47 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 595:

FKVGLWKGD I VEGRAVLYT YKWYTPFIHG GQRSSDQVTY VQKVTVA

47

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 596

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 596:

SVLTTSQRLS SHFKSQIPTR AKVLLDLFHP FSTSLSSTLA APSP

44

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 597:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1651 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 597



```

GAGCTGCCAA GCAGCCCACC TCCTGGGCTT CCCGAAGTGG CCCCAGATGC AACCTCCACT 60
GGCCTCCCTG ATACCCCGGC AGCTCCAGAA ACCAGCACCA ACTACCCAGT GGAGTGCACQ 120
GAGGGGTCTG CAGGCCCCCA GTCTCTCCCC TTGCCTATTG TGGAGCCGGT CAAAAACCCC 180
5 TGCTCTGTCA AAGACCAGAC GCCACTCCAA CTTTCTGTAG AAGATACCAC CTCTCCAAAT 240
ACCAAGCCGT GCCCACCTAC TCCCACCACC CCAGAAACAT GGGGGGGGGG GGGGGGGGGG 300
GCGCCGTCAT CTACTCCTTG TTCAGCTCAC CTGACCCCTT CCTCCCTGTT CCCTTCCTCC 360
CTGGAATCAT CATCGGAACA GAAATTCTAT AACTTTGTGA TCCTCCACGC CAGGGCAGAC 420
GAACACATCG CCCTGCGGGT TCGGGAGAAG CTGGAGGCCC TTGGCGTGCC CGACGGGGCC 480
10 ACCTTCTGCG AGGATTTCCT GGTGCCGGGG CGCGGGGAGC TGAGCTGCCT GCAGGACGCC 540
ATAGACCACT CAGCTTTCAT CATCTACTT CTCACCTCCA ACTTCGACTG TCGCCTGAGC 600
CTGCACCAGG TGAACCAAGC CATGATGAGC AACCTCACGC GACAGGGGTC GCCAGACTGT 660
GTCATCCCCT TCCTGCCCCCT GGAGAGCTCC CCGGGCCAGC TCAGCTCCGA CACGGCCAGC 720
CTGCTCTCCG GGCTGGTGCG GCTGGACGAA CACTCCAGA TCTTCGCCAG GAAGGTGGCC 780
15 AACACCTTCA AGCCCCACAG GCTTCAGGCC CGAAAGGCCA TGTGGAGGAA GGAACAGGAC 840
ACCCGAGCCC TGCGGGAACA GAGCCAACAC CTGGACGGTG AGCGGATGCA GGCGGCGGCA 900
CTGAACGCGC CCTACTCAGC CTACCTCCAG AGCTACTTGT CCTACCAGC ACAGATGGAG 960
CAGCTCCAGG TGGCTTTTGG GAGCCACATG TCATTGGGA CTGGGGCGCC CTATGGGGTC1020
AGAATGCCCT TTGGGGGCCA GGGGCCCTTG GGAGCCCCGC CACCTTTTCC CACTTGGCCG1080
20 GGGTGCCCGC AGCCGCCACC CCTGCACGCA TGGCAGGCTG GCACCCCCC ACCGCCCTCC1140
CCACAGCCAG CAGCCTTTCC ACAGTCACTG CCCTTCCCGC AGTCCCCAGC CTTCCCTACG1200
GCCTCACCCG CACCCCTCA GAGCCCAGGG CTGCAACCCC TCATTATCCA CCACGCACAG1260
ATGGTACAGC TGGGGCTGAA CAACCACATG TGGAAACAGA GAGGGTCCCA GGCGCCCGAG1320
GACAAGACGC AGGAGGCAGA ATGACCGCGT GTCCTTGCCCT GACCACCTGG GGAACACCCC1380
25 TGGACCCAGG CATCGGCCAG GACCCCATAG AGCACCCCGG TCTGCCCTGT GCCCTGTGGA1440
CAGTGAAGA TGAGGTCATC TGCCACTTTC AGGACATTGT CCGGGAGCCC TTCATTTAGG1500
ACAAAACGGG CGCGATGATG CCCTGGCTTT CAGGGTGGTC AGAACTGGAT ACGGTGTTTA1560
CAATTCCAAT CTCTCTATTT CTGGGTGAAG GGTCTTGGTG GTGGGGGTAT TGCTACGGTC1620
TTTAAATTAT AATAAATATT TATTGAATGC T 1651
30

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 598:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 35 (A) LÄNGE: 3304 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 598
- 55 AAACCTCTT GGCTGTCTGC TGTCCAGGGA GTCGCCACTC CCTTCATTAT AGCCTTGCTC 60  
AGAGTGACGC GGCAGGCCCTG GGGATGGCCT CGGGAGAGGG ACCACAGAGC ACCAGCCTGC 120  
ATGGAACCTC CTTCCCTCACT CAGCTTCCCA CGTTGCCAGC TGGGACAGGG GAGATGGAGT 180

AATTTTGCTG TGGAAAGACT TCACGTCTTG CCGAATGAAA GTCCCGCCTG TCTGTACAGC 240  
 TGATGCCCCG GCAGCTGTCT GAGCACCCGG AATGGAATGA GTCTATGCAC TCCCTCCGGA 300  
 TCAGTGTGGG GGGCCTTCCT GTGCTGGCGT CCATGACCAA GGCCGCGGAC CCCCCTTCC 360  
 GCCCCGCTG GAAGGTGATC CTGACGTTCT TTGTGGGTGC TGCCATCCTC TGGCTGCTCT 420  
 5 GCTCCACCCG CCCGCCCCC GGCAGGCCCC CCACCCACAA TGCACACAAC TGGAGGCTCG 480  
 GCCAGGCGCC CGCCAACTGG TACAATGACA CCTACCCCTT GTCTCCCCCA CAAAGGACAC 540  
 CGGCTGGGAT TCGGTATCGA ATCGCAGTTA TCGCAGACCT GGACACAGAG CCAACCGCCC 600  
 AAGACGAAAA CACCTGGCGC AGCGACCTGA AAAAGGGCTA CCTGACCCTG TCAGACAGTG 660  
 GGGACAAGGT GGCCGTGGAA TGGGACAAAG ACCATGGGGT CCTGGAGTCC CACCTGGCGG 720  
 10 AGAAGGGGAG AGGCATGGAG CTATCCGACC TGATTGTTTT CAATGGGAAA CTCTACTCCG 780  
 TGGATGACCG GACGGGGGTC GTCTACCAGA TCGAAGGCAG CAAAGCCGTG CCCTGGGTGA 840  
 TTCTGTCCGA CGGCGACGGC ACCGTGGAGA AAGGCTTCAA GGCCGAATGG CTGGCAGTGA 900  
 AGGACGAGCG TCTGTACGTG GCGGGCCTGG CCAAGGAGTG GACGACCACT ACGGGTGATG 960  
 TGGTGAACGA GAACCCGGAG TGGGTGAAGG TGGTGGGCTA CAAGGGCAGC GTGGACCACG 1020  
 15 AGAAGTGGT GTCCAACTAC AACGCCCTGC GGGCTGCTGC CGGCATCCAG CCGCCAGCTA 1080  
 ACCTCATCCA TGAGTCTGCC TGCTGGAGTG ACACGCTGCA GCGCTGGTTC TTCTGCCCCG 1140  
 GCCGCGCCAG CCAGGAGCGC TACAGCGAGA AGGACGACGA GCGCAAGGGC GCCAACCTGC 1200  
 TGCTGAGCGC CTCCCCTGAC TTCGGCGACA TCGCTGTGAG CCACGTCGGG GCGGTGGTCC 1260  
 CCACTCACGG CTCTCGTCC TTCAAGTTCA TCCCCAACAC CGACGACCAG ATCATTGTGG 1320  
 20 CCCTCAAATC CGAGGAGGAC AGCGGCAGAG TCGCTCCTA CATCATGGCC TTCACGCTGG 1380  
 ACGGGCGCTT CTGTTGCGG GAGACCAAGA TCGGAAGCGT GAAATACGAA GGCATCGAGT 1440  
 TCATTTAACT CAAAACGGAA AACTGAGCA AGGCCATCAG GACTCAGCTT TTATAAAAC 1500  
 AAGAGGAGTG CACTTTTGT TGTGTTTGT CTTTTTGGA CTGTGCTGG GTTGAGGTC 1560  
 TGGACAGGGA GCCCAGTCCC GGGCCCCATA GTGGTGCGGG CACTGGACCC CCGGGCCCCA 1620  
 25 CGGAGGCCGC GGTCTGAACT GCTTTCCATG CTGCCATCTG GTGGTGATT CGGTCACTTC 1680  
 AGGCATTGAC TCAAGGCCGT CTAACCTGGC TGGGTGCTTT CTTCCATCCG ACCTCGTTTC 1740  
 TTTTCTTTCC TATGTTCTTT TGTTCAGTGA ATATCCCTAG AGCTCCTACC ATATGTCAGG 1800  
 CCCTATGCCT CACCCTGAGA ACGCAGTGAG CATGAGGTGG ACCTGTTTGC TGGGAACCCC 1860  
 AGGTCACCCC CTTTTCTTCC CAAACTTGGT GCCTTGGAAG AATCAGGTCC AGCCCTGAAG 1920  
 30 ATCCTTGGGG AAGAAAATGT TTATGTTGCA GGGTATTGCA TGGTCACGAG TGAGGGGCAG 1980  
 GCCCCTGGGG GACACATCTG CCCACAGCTG CACAGGCCAG GGGCAGAGGC ACATCTGTG 2040  
 GTTCTCAGGC CTCAGATAAA ACCATCTCCG CATCATATGG CCAGTGACCG CTTTCTCCCT 2100  
 TCAAGAAAAAT TCTGTGGCTG TGCACTACTT TGAAGTTTAA ATTATTAACC TGCTTTAATT 2160  
 AAAGCAGTTT CCTTCTTAT AAAGTGAAT CACCAAATCT TATCACACAG AGCACAGTCC 2220  
 35 TGATGTTACC CAGCCCGCTC CAGCAGTGCG GGAGATTGTA AGGAAGCGGT GCGGGCTGGT 2280  
 GAAGCAAGTC TCACATGTCG GCGTTCTTGG CCAATGGATA CAAAGATAAA GAAATGTTG 2340  
 CCTTTTCTA GGAAGTGTCA GAAATCCTCA TGCCTTTCAA GACTTCTGTG AATGACTTGA 2400  
 ATTTTTTATT CCCTGCCTAG GGTCTGTGAA CGAGGCCTGT CTCTTCCCTG GGGTTTCTTT 2460  
 CCATGGCCTT TATTTCTCCT CTTCCAGTGG GAGTTTGTGA GGCTCTTCTC TGTGGAACT 2520  
 40 TCACGAGCGT TGGCTGGGCC TCGGCTTCGC TGGAGTGAT TCCAGGGTGA AGGCAGAGTG 2580  
 GGATTTGAGA CCCAGGTTAG GCACGACCCA GGCTGAGAAG GGACGTTTCC ATCATTCACA 2640  
 GTGCCCTCCC CACAGCAACT ACCTCACCCC GACCCCCACC CTCCTCCTA CCCCACCCCG 2700  
 CGATCGTCAG GGGTGCCACG GTGGGCCGGA GGGTGCCGGC TCTGGCTGTC CCTGTGCCGG 2760  
 TCCCTCACAA ACCTCTCCCC CTTTGAACCT CAAGCACAGC TGCGAGGAGG GCAGCGAGGA 2820  
 45 GGGACCCCTC TCTCATGGTT GTCTCTTTCC CCCGCTATGT CATAGGTAGT GGAGGAAGCG 2880  
 AAGGAAGTGA ACGCTGAATG TGACGCATTT CTGAAGAGCT CAGCTGTCAC CGGGCATAGC 2940  
 CTGGAAGCCC CAAGTCTGTT CTGACTTTGC CTGGCTGTCT CCTTGACCCG CCTCCTAGAT 3000  
 CATTGTCTT GATGTCCAGG CTGGGTCAAT TAAAATAGAG ATGCAATCAG GAAGGTTGGG 3060  
 GGAAGTGGGA CTGTGGCTGA ATTGAGACCT TGCTGATGTA TTCATGTCAG CACCTGAGTC 3120  
 50 ACAGCCAGG TGCCCGGAAG CAGCCTCTTC GCATAGGCAG TGATTTGCGA TTACTTTAAA 3180  
 GCTCACCTTT TTTCTTCCC TCTCTGTTCC CTGCTGTCAG CATAATGATT GTGTTCTTTC 3240  
 CCTATGGGAT CCATCTGTTT TGTAACAAT AAAGCGTCTG AGGGAGTGTA AAAACAGAT 3300  
 GGAT 3304

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 599:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 878 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 599

20 GCGGCCGCGC CAGTCTCGCT TCATGACGCA GCCGGTGACC TTCGACGAGA TCCAGGAGGT 60  
GGAGGAGGAG GGGGTGTCCC CCATGGAGGA GGAGAAGGCC AAGAAGTCGT TCCTGCAGAG120  
CCTGGAGTGC CTGCGCCGCA GCACGCAGAG CCTGTCGCTG CAGCGGGAGC AGCTCAGCAG180  
CTGCAAACTG AGGAACAGCC TGGACTCCAG CGACTCCGAC TCGGCCCTGT AAGGGGCGCC240  
GCCCCGCGGG GGGACGCGCG CGTCCGCGGT CCGCGCGGGG ACCGGCGTGT GAACCCCGAG300  
AGTGCCCCGCG CCCTGCTCCC GGGGGACCCG CAAGGACCCG GGACCGCCGC TCCTCGCGCG360  
CTCGGACTCC CGCCCCGCTG CGAACC GGTC GGTGCGCCCC TCGCCGCGCT CGCCCTGGCC420  
25 CGGGAGCGCC GGGAGCGGG CCGCTTTCCT CGTCCTTGTA AATGTTTATT TTTTAACTCT480  
TCCCAGTGCG AACTCTGCTG TGAGTGTGTG CGGGGAGGCG CGCCCGCGCT GAGTCGGCGG540  
CGGGTAGCCA CTCCATGCCC TTGTCCGATG GTTTGCAACT CCGATTTTGC ACACCGCTCC600  
ACCGTGCCCC CCAGCGCACA CCCATT CACA CTCACGCCAA CACTCTCGCT GAACACTTTT660  
ATAATTGTTA GGC GTGGCCG TTGGGACTTT GGGCGCAGCG CGGCTGCTAC TGC GTCTGGA720  
30 GGATTGATAT TTATTTTGC ATTGCGATGG CTGAAGGCAT TTATTTAACG ATCTTTTAC780  
CTGGATATGT CTGTGAGGCT CCTGAAAGGA GACAAATAAA GTCAATATAT TTGCACAGTG840  
CAAAAAAAAA AAAGAAAGAA AAGAGAAGGT TCGAGAAA 878

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 600:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2760 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 600

```

5  CACCCAACCT GTGTTGTTG CCCCCGCCCC TTNCCTCCAC AGNTCTNCTT NCTNCCGCCC 60
   GGCACCTCTG TGGACCCCTT NTTAGTTCAC AGGCACGNT GGGGCCGGTC TGTGCTGGCG 120
   NCTGCTGGCC ACTGAGGGAC AGGGACACGT GCCACCTGCT CATCTCTGCC CTGAGGTCAC 180
   CCCGTGGTCC CTCCACGTGC CCATCTCTCT GCAGTGCCCT CCTCGCCTGT GCAGCCCGCC 240
   CACCCACAGG CTCACCCCTC CTGCCGGCTG CCAGAGGCCC CCTCCAGCAG GGCTCTCTC 300
   CGTNGCCCCA GTTCACTCT CTCCCTCAGC ACCTGCCCTG CTGGAGGCCC CAGCCCTCCG 360
10  TGGACAGCAG GGGCCACGTG GAGCCCGGGC CGCTCACCCG CCACCCAGTG CTGGCCGCGT 420
   TCTTGGTGCC AAACCCCTT CCCCCACCCA GAGACTGGGC AGCTGTGTCT GGTTCGTTCT 480
   TTGCACTAAC CACATTTGTC ATCTCTAGGG CAGGCTGGGG CTGCGGGCTG AGGGGGACCG 540
   CTGGCACCCC CTTCCCTCC CTTCTGGTT CCATTTCCAT CCATGACAGG TACAGCATCC 600
   CAGGAGCCCG GCCTGAGGGG CTGGACCCGA GCCGGCTGTG AACATCCCTC AGCCCTCGCT 660
15  GTCCCCCTT GGGACTAACC ACTAACCCTCA CCCCCAACT CCACGGGTGC CCCTAGCTGG 720
   CCCAGAGCCG GCAGTGTGAG CCCAAGTCCG GGCTGGAGCC GAGGCCGGAG CAGCTGTCTG 780
   GGAGTCAAGG CTGCAGTAGC GTTCTTCAT GGGGTGCTCC AGGGGGTGCC ACAGACCGAC 840
   AGGCAGCCCA AGGGCTGGA CACCCCTCCC CAGGCAGGTG CTGCCCCAGG AGGACTGTCC 900
   TCGGGAATGA ACCTCCCGCG GGCTTTGGAC TGAGGTCCCT GTGGCCTCGG TCTCCTCCCC 960
20  ATGAAGTGGG AGCGAGGCTC CCCAATGGTG CTTTGGCTT TAGTGACGA TGTTCGTGT1020
   GCTTCCCGCC GTGGAGGGCA GAGCCACCCC ACATCAGGAT CGGACGTGCT ACCCTCCCG1080
   GTCCCGCCCC TGGCCAGCC AGCCAGCCC TCGAGGCTCG ATGCCTGTGC CAAGGCCAGG1140
   GGCAGCCAGA GGGCAGCTGG ATGGCCAGCT GCAGGGGTCA AGGCTGGGCC CTGCAGTGGG1200
   GCGGGCCGCC AGCCCCAGCA GTTTACAGAC GCATGGCTCT TCCTCCAGA GCAGCCGGCA1260
25  GCTACCTGGA CCGGAAATGT CCTCATCCCC TCCCTGGGGC CAGGCTCTGC CCTGGCCTTC1320
   CTCTGTGAAC CCCTCCTTC TTTGTCTGG TGCTGGGAC CAAAAAGGGG GAATATGGGA1380
   GGGCAGAGTG GGGAGGGGAG TCCATGGGCC TGGGGCCCCA AGCCGGGGCG TCTGAGCTCC1440
   CCAGGCATGA CCAAACCTCA GTGGAGGGGC CTCTGCTTCA GGCCCCGCTT GGCTGACATT1500
   CTGAGCCCCC CTCGGAGGCC CCGCCACAGC CAACCTGCCC AGTCTTTCTT CTGGGCTTGA1560
30  CCCGCCAGGG GAGTTCTCCA GGCCTAGGGC CAGGAGAGAG GCCCTGGCAC CCTGGCGTGG1620
   GTGCCCCCCA AACGCCCTGC GACCGCTACA GAAGCACAAA TGCTGTCCAT GGCCGTGAGG1680
   CTGCCTGCCA GGTGAATGGA CATAGCGTGA GAGGCGGTGA GGCCAGGGCT TCCAGCCTCG1740
   TGCTGTCTCG GGACTCCTGA CCGTGGTGTG CGTGTGTGCC CGTCTGTGAC TTTCTACTCA1800
   CCAAGTTGA AGAAAGGAAA CGGGGAAAAT CAAAAGGGGT TCAAACCCCA CCTCAGTAGG1860
35  TGGAGGGGAG CGCCTGCCAT TGGTTGTATT TTTGTTCTGA GTTTTCGGTG CCGTGTTCCT1920
   AACTACTCCA TCCCATGACC TCGCCACACC TACTGGGGCA TCTGGCTGGT GCCTGCTGCC1980
   ATGGCCAGCC CCCACTTCTC ACCCTGCACA GGGGGTCTTG CAGCCCCAG GCCCAGGCC2040
   TCGTTGGGAG GACAGGGTGG CCCTGGGGAC AAGAGGGAGG AGCCCAGGGG CTTACCTCAC2100
   TGAGAGTGCT CCCAGCAGG CATCCACTAC CCCAGGGCCC CCCACATGTC ATGGCAAGGT2160
40  TGGTAGTGAA TGGGCTGGT TGGGAGCAGC CCCTGGCCCA TTGGCCACC ACCCATCTCA2220
   CTATGCAATT CGAGTTCCAA GCAACATTTG CTCCTGCCCT GGGGCCAGCT CTGCCCCAGC2280
   CCTGAGAGGG GTGGTGAGGC AGCCCCCTGG ACCCCAGAAC CCCAGACAAG GGGGCAGGCG2340
   GGGGACCAGG GCCTCTCTG TGGGATCTTT GTTTGTGTT TAACCATAAT GGTGTGTAC2400
   TGAACCACTT CATATTTGTT ATATATAATA TATATATATA TAATCTCCTT AAGACTCAGC2460
45  CTCCTGGTTT ACCCCCCCGG CCTGGGCATC TGACCTCCCC CACCCAGTG TGATTTAACA2520
   TCCAGGAACT GAGGCCTGAA CCATTTTGCA TTTCCCCCTC CTCCAGCCTC TGAGGGCCA2580
   TGGCTGTATG TACTGTCGCT GTGTTTTTTT GTTTTTTTAG AACTGGGTTT GGGGGCTGAT2640
   TTTTATTTCT TTGGGGGCTT TTTTCTTGG CAAATACTAA AAATCTCGTC AATGTAATTT2700
   CTGTGGTTTC TATTCAGCTT GGGTTTCATG TTTTAAATA AATTTTAAAA AGCAAAAAAA2760

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 601:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1021 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 601

```

15  GCGGGGGCCG CGAGAGCAGT AGGTGTTAGC AGCTTGGTCG CGACAGGGGC GCTAGGTAGA 60
    GCGCCGGGAC CTGTGACAGG GCTGGTAGCA GCGCAGAGGA AAGGCGGCTT TTAGCCAGGT 120
    ATTTCACTGT CTGTAGACAA GATGGAATCA TCTCCATTTA ATAGACGGCA ATGGACCTCA 180
    CTATCATTGA GGGTAACAGC CAAAGAACTT TCTCTTGTCA ACAAGAACAA GTCATCGGCT 240
    ATTGTGGAAA TATTCTCCAA GTACCAGAAA GCAGCTGAAG AAACAAACAT GGAGAAGAAG 300
20  AGAAGTAACA CCGAAAATCT CTCCCAGCAC TTAGAAAAGG GGACCCTGAC TGTGTTAAAG 360
    AAGAAGTGGG AGAACCCAGG GCTGGGAGCA GAGTCTCACA CAGACTCTCT ACGGAACAGC 420
    AGCACTGAGA TTAGGCACAG AGCAGACCAT CCTCCTGCTG AAGTGACAAG CCACGCTGCT 480
    TCTGGAGCCA AAGCTGACCA AGAAGAACAA ATCCACCCCA GATCTAGACT CAGGTCACCT 540
    CCTGAAGCCC TCGTTCAGGG TCGATATCCC CACATCAAGG ACGGTGAGGA TCTTAAAGAC 600
25  CACTCAACAG AAAGTAAAAA AATGGAAAAT TGTCTAGGAG AATCCAGGCA TGAAGTAGAA 660
    AAATCAGAAA TCAGTGAAAA CACAGATGCT TCGGGCAAAA TAGAGAAATA TAATGTTCCG 720
    CTGAACAGGC TTAAGATGAT GTTTGAGAAA GGTGAACCAA CTCAAACTAA GATTCTCCGG 780
    GCCCAAAGCC GAAGTGCAAG TGGAAGGAAG ATCTCTGAAA ACAGCTATTC TCTAGATGAC 840
    CTGGAAATAG GCCCAGGTCA GTTGTCTATCT TCTACATTTG ACTCGGAGAA AAATGAGAGT 900
30  AGACGAAATC TGGAACCTCC ACGCCTCTCA GAAACCTCTA TAAAGGATCG AATGGCCAAG 960
    TACCAGGCAG CTGTGTCCAA ACAAAGCAGC TCACCGACTA TACCAATGAG CTGAAGCCAG 1020
    G                                                                 1021
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 602:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2889 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 602

```

GATCAGGCCT GTGGTCCAGC TCACTGCCAT TGAGATTCTA GCTTGGGGCT TAAGAAATAT 60
GAAAAACTTC CAGATGGCTT CTATCACATC CCCCAGTCTT GTTGTGGAGT GTGGAGGAGA 120
5 AAGGGTGGAA TCGGTGGTGA TCAAAAACCT TAAGAAGACA CCCAACTTTC CAAGTTCTGT 180
TCTCTTCATG AAAGTGTCTT TGCCCAAGGA GGAATTGTAC ATGCCCCCAC TGGTGATCAA 240
GGTCATCGAC CACAGGCAGT TTGGGCGGAA GCCTGTCGTC GGCCAGTGCA CCATCGAGCG 300
CCTGGACCGC TTTCGCTGTG ACCCTTATGC AGGGAAAGAG GACATCGTCC CACAGCTCAA 360
AGCCTCCCTG CTGTCTGCCC CACCATGCCG GGACATCGTT ATCGAAATGG AAGACACCAA 420
10 ACCATTACTG GCTTCTAAGC TGACAGAAAA GGAGGAAGAA ATCGTGGACT GGTGGAGTAA 480
ATTTGATGCT TCCTCAGGGG AACATGAAAA ATGCGGACAG TATATTGAGA AAGGCTATTC 540
CAAGCTCAAG ATATATAATT GTGAAGTAGA AAATGTAGCA GAATTTGAGG GCCTGACAGA 600
CTTCTCAGAT ACGTTCAAGT TGTACCGAGG CAAGTCGGAT GAAAATGAAG ATCCTTCTGT 660
GGTTGGAGAG TTTAAGGGCT CCTTTCGGAT CTACCCTCTG CCGGATGACC CCAGCGTGCC 720
15 AGCCCTCCC AGACAGTTTC GGGAAATACC TGACAGCGTC CCACAGGAAT GCACGGTTAG 780
GATTTACATT GTTCGAGGCT TAGAGCTCCA GCCCCAGGAC AACAATGGCC TGTGTGACCC 840
TTACATAAAA ATAACACTGG GCAAAAAAGT CATTGAAGAC CGAGATCACT ACATTCCCAA 900
CACTCTCAAC CCAGTCTTTG GCAGGATGTA CGAACTGAGC TGCTACTTAC CTCAAGAAAA 960
AGACCTGAAA ATTTCTGTCT ATGATTATGA CACCTTTACC CGGGATGAAA AAGTAGGAGA1020
20 AACAATTATT GATCTGGAAA ACCGATTCTT TTCCCGCTTT GGGTCCCACT GCGGCATACC1080
AGAGGAGTAC TGTGTTTCTG GAGTCAATAC CTGGCGAGAT CAACTGAGAC CAACACAGCT1140
GCTTCAAAAT GTCGCCAGAT TCAAAGGCTT CCCACAACCC ATCCTTTCCG AAGATGGGAG1200
TAGAATCAGA TATGGAGGAC GAGACTACAG CTGGATGAA TTTGAAGCCA ACAAATCCT1260
GCACCAGCAC CTCGGGGCCC CTGAAGAGCG GCTTGCTCTT CACATCCTCA GGACTCAGGG1320
25 GCTGGTCCCT GAGCACGTGG AAACAAGGAC TTTGCACAGC ACCTTCCAGC CCAACATTC1380
CCAGGGAAAA CTTAGATGT GGGTGGATGT TTTCCCAAG AGTTTGGGGC CACCGAGCC1440
TCCTTTCAAC ATCACACCCC GGAAAGCCAA GAAATACTAC CTGCGTGTGA TCATCTGGA1500
CACCAGGAC GTTATCTTGG ACGAGAAAAG CATCACAGGA GAGGAAATGA GTGACATCTA1560
CGTCAAAGGC TGGATTCTTG GCAATGAAGA AAACAAACAG AAAACAGATG TCCATTACAG1620
30 ATCTTTGGAT GGTGAAGGGA ATTTAACTG GCGATTTGTT TTCCCGTTG ACTACCTTCC1680
AGCCGAACAA CTCTGTATCG TTGCGAAAAA AGAGCATTTC TGGAGTATTG ACCAAACGGA1740
ATTTCGAATC CCACCCAGGC TGATCATTTA GATATGGGAC AATGACAAGT TTTCTCTGGA1800
TGACTACTTG GGTTCCTAG AACTTGACTT GCGTCACAGC ATCATTCTCG CAAAATCACC1860
AGAGAAATGC AGGTTGGACA TGATTCCGGA CCTCAAAGCC ATGAACCCCC TTAAAGCCAA1920
35 GACAGCCTCC CTCTTTGAGC AGAAGTCCAT GAAAGGATGG TGGCCATGCT ACGCAGAGAA1980
AGATGGCGCC CGCGTAATGG CTGGGAAAGT GGAGATGACA TTGGAAATCC TCAACGAGAA2040
GGAGGCCGAG GAGAGGCCAG CCGGGAAGGG GCGGGACGAA CCCAACATGA ACCCAAGCT2100
GGACTTACCA AATCGACCAG AAACCTCCTT CCTCTGGTTC ACCAACCCTAT GCAAGACCAT2160
GAAGTTCATC GTGTGGCGCC GCTTTAAGTG GGTATCATC GGCTTGCTGT TCCTGCTTAT2220
40 CCTGCTGCTC TTCGTGGCCG TGCTCCTCTA CTCTTTGCCG AACTATTTGT CAATGAAGAT2280
TGTAAGCCAA AATGTGTAAC AAAGGCAAAG GCTTCATTTT AAGAGTCATC CAGCAATGAG2340
AGAATCCTGC CTCTGTAGAC CAACATCCAG TGTGATTTTG TGTCTGAGAC CACACCCAG2400
TAGCAGGTTA CGCCATGTCA CCGAGCCCCA TTGATTCCCA GAGGGTCTTA GTCCTGGA2460
GTCAGGCCAA CAAGCAACGT TTGCATCATG TTATCTCTTA AGTATTAAAA GTTTTATTTT2520
45 CTAAAGTTTA AATCATGTTT TTCAAAATAT TTTTCAAGGT GGCTGGTTCC ATTTAAAAAT2580
CATCTTTTTA TATGTGCTCT CGGTTCTAGA CTTGAGCTTT TGGAATTCG TAAATAGAAT2640
TCAAAAATCT CTGCATCCTG AGGTGATATA CTTGATTTT GTAATCAACT GAAAGAGCTG2700
TGCATTATAA AATCAGTTAG AATAGTTAGA ACAATTCTTA TTTATGCCCA CAACCATTCG2760
TATATTTTGT ATGGATGTCA TAAAAGTCTA TTTAACCTCT GTAATGAAAC TAAATAAAAA2820
50 TGTTTCACCT TAAAACATA GGGGGGGTGG TCGGGGGGTC GGGAGGGGGG GGGGTGGTGT2880
GGGGTGTGG
2889

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 603:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 3638 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 603

```

AGAGTTTCAG TTTTGGCAGC AGCGTCCAGT GCCCTGCCAG TAGCTCCTAG AGAGGCAGGG 60
GTTACCAACT GGCCAGCAGG CTGTGTCCCT GAAGTCAGAT CAACGGGAGA GAAGGAAGTG 120
GCTAAAACAT TGCACAGGAG AAGTCGGCCT GAGTGGTGCG GCGCTCGGGA CCCACCAGCA 180
20 ATGCTGCTCT TCGTGCTCAC CTGCCTGCTG GCGGTCTTCC CAGCCATCTC CACGAAGAGT 240
CCCATATTTG GTCCCAGAGG GGTGAATAGT GTGGAAGGTA ACTCAGTGTC CATCACGTGC 300
TACTACCCAC CCACCTCTGT CAACCGGCAC ACCCGGAAGT ACTGGTGCCG GCAGGGAGCT 360
AGAGGTGGCT GCATAACCCCT CATCTCCTCG GAGGGCTACG TCTCCAGCAA ATATGCAGGC 420
AGGGCTAACC TCACCAACTT CCCGGAGAAC GGCACATTG TGGTGAACAT TGCCCAGCTG 480
25 AGCCAGGATG ACTCCGGGCG CTACAAGTGT GGCCTGGGCA TCAATAGCCG AGGCCTGTCC 540
TTTGATGTCA GCCTGGAGGT CAGCCAGGGT CCTGGGCTCC TAAATGACAC TAAAGTCTAC 600
ACAGTGGACC TGGGCAGAAC GGTGACCATC AACTGCCCTT TCAAGACTGA GAATGCTCAA 660
AAGAGGAAGT CCTGTACAA GCAGATAGGC CTGTACCCTG TGCTGGTCAT CGACTCCAGT 720
GGTTATGTGA ATCCCAACTA TACAGGAAGA ATACGCCTTG ATATTAGGG TACTGGCCAA 780
30 CGACTGTTCA GCGTTGTCTC CAACCAACTC AGGCTCAGCG ATGCTGGGCA GTATCTCTGC 840
CAGGCTGGGG ATGATTCCAA TAGTAATAAG AAGAATGCTG ACCTCCAAGT GCTAAAGCCC 900
GAGCCCGAGC TGGTTTATGA AGACCTGAGG GGCTCAGTGA CCTTCCACTG TGCCCTGGGC 960
CCTGAGGTGG CAAACGTGGC CAAATTTCTG TGCCGACAGA GCAGTGGGGA AAACGTGAC1020
GTGTCGTCA ACACCCTGGG GAAGAGGGCC CCAGCCTTTG AGGGCAGGAT CCTGCTCAAC1080
35 CCCCAGGACA AGGATGGCTC ATTCAGTGTG GTGATCACAG GCCTGAGGAA GGAGGATGCA1140
GGGCGCTACC TGTGTGGAGC CCATTGCGAT TGTGAGCTGC AGGAAGGCTC GCCTATCCAG1200
GCCTGGCAAC TCTTCGTCAA TGAGGAGTCC ACGATTCCCC GCAGCCCCAC TGTGGTGAAG1260
GGGGTGGCAG GAGGCTCTGT GGCCGTGCTC TGCCCTACA ACCGTAAGGA AAGCAAAGC1320
ATCAAGTACT GGTGTCTCTG GGAAGGGGCC CAGAATGGCC GCTGCCCCCT GCTGGTGGAC1380
40 AGCGAGGGGT GGGTTAAGGC CCACTACGAG GGCCGCTCT CCCTGTGGA GGAGCCAGGC1440
AACGGCACCT TCACTGTCTC CCTCAACCAG CTCACCAGCC GGGACGCCGG CTTCTACTGG1500
TGTCTGACCA ACGCGGATAC TCTCTGGAGG ACCACCGTGG AGATCAAGAT TATCGAAGGA1560
GAACCAAACC TCAAGGTACC AGGGAATGTC ACGGCTGTGC TGGGAGAGAC TCTCAAGGTC1620
CCCTGTCACT TTCCATGCAA ATTCTCCTCG TACGAGAAAT ACTGGTGCAA GTGGAATAAC1680
45 ACGGGCTGCC AGGCCCTGCC CAGCCAAGAC GAAGGCCCCA GCAAGGCCCT CGTGAAGTGT1740
GACGAGAACA GCCGCTTGT CTCCTGACC CTGAACCTGG TGACCAGGGC TGATGAGGGC1800
TGGTACTGGT GTGGAGTGAA GCAGGGCCAC TTCTATGGAG AGACTGCAGC CGTCTATGTG1860
GCAGTTGAAG AGAGGAAGGC AGCGGGGTCC CGCGATGTCA GCCTAGCGAA GGCAGACGCT1920
GCTCCTGATG AGAAGGTGCT AGACTCTGGT TTTCGGGAGA TTGAGAACAA AGCCATTTCAG1980
50 GATCCCAGGC TTTTTCGAGA GGAAGGGCG GTGGCAGATA CAAGAGATCA AGCCGATGGG2040
AGCAGAGCAT CTGTGGATTC CGGCAGCTCT GAGGAACAAG GTGGAAGCTC CAGAGCGCTG2100
GTCTCCACCC TGGTGCCCTT GGGCTGGTG CTGGCAGTGG GAGCCGTGGC TGTGGGGGTG2160
GCCAGAGCCC GGCACAGGAA GAACGTGCAG CGAGTTTCAA TCAGAAGCTA CAGGACAGAC2220
ATTAGCATGT CAGACTTCGA GAATTCAGG GAATTTGGAG CCAATGACAA CATGGGAGCC2280
55 TCTTCGATCA CTCAGGAGAC ATCCCTCGGA GGAAGGAAG AGTTTGTGTC CACCACTGAG2340
AGCAACACAG AGACCAAGA ACCCAAGAAG GCAAGAGGT CATCCAAGGA GGAAGCCGAG2400
ATGGCCTACA AAGACTTCCT GCTCCAGTCC AGCACCCTGG CCGCCGAGGC CCAGGACGGC2460
CCCCAGGAAG CCTAGACGGT GTCGCCGCTT GCTCCCTGCA CCCATGACAA TCACCTTCAG2520
AATCATGTCT ATCCTGGGGC CCTCAGCTCC TGGGGACCCC ACTCCCTGCT CTAACACCTG2580

```

```

CCTAGGTTTT TCCTACTGTC CTCAGAGGCG TGCTGGTCCC CTCCTCAGTG ACATCAAAGC2640
CTGGCCTAAT TGTTCTTATT GGGGATGAGG GTGGCATGAG GAGGTCCCAC TTGCAACTTC2700
TTTCTGTTGA GAGAACCTCA GGTACGGAGA AGAATAGAGG TCCTCATGGG TCCCTTGAAG2760
GAAGAGGGAC CAGGGTGGGA GAGCTGATTG CAGAAAGGAG AGACGTGCAG CGCCCCCTCTG2820
5  CACCCCTTATC ATGGGATGTC AACAGAATT TTTCCCTCCA CTCCATCCCT CCTCCCCTC2880
CTTCCCCTCT TCTTCTTTCC TTACCATCAA AAGATGTATT TGAATTCATA CTAGAATTCA2940
GGTGCTTTGC TAGATGCTGT GACAGGTATG CCACCAACAC TGCTCACAGC CTTTCTGAGG3000
ACACCAAGTGA AAGAAGCCAC AGCTCTTCTT GGCCTATTTA TACTCACTGA GTCTTAACTT3060
TTCACCAGGG GTGCTCACCT CTGCCCCTAT TGGGAGAGGT CATAAAATGT CTCGAGTCCT3120
10 AAGGCCTTAG GGGTCATGTA TGATGAGCAT ACACACAGGC ATGAGCCACT GAGCCTGGCC3180
CAGAAGCGTT TTTCTCAAAG GCCCTCAGT AGATAAATTA GATTTGCCAT CTCCTGTCCT3240
GGGCCAGGGA TCTCTCTACA AGAGCCCCTG CCCCTCTGTT GGAGGCACAG TTTTAGAATA3300
AGGAGGAGGA GGGAGAAGAG AAAATGTAA GGAGGGAGAT CTTTCCCAGG CCGCACCATT3360
TCTGTCACTC ACATGGACCC AAGATAAAAG AATGGCCAAA CCCTCACAAC CCCTGATGTT3420
15 TGAAGAGTTC CAAGTTGAAG GGAACAAAG AAGTGTGTTGA TGGTGCCAGA GAGGGGCTGC3480
TCTCCAGAAA GCTAAATTT AATTTCTTTT TTCCTCTGAG TTCTGTACTT CAACCAGCCT3540
ACAAGCTGGC ACTTGCTAAC AAATCAGAAA TATGACAATT AATGATTAAA GACTGTGATT3600
GCCACCAAAA AAAAAAAAAA AGACGAAAAG AAAAAGGG 3638

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 604:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 2775 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 604

```

ATAGGTTTGG ACCTTTCTTG GTAGAATTAC TGCCCTAATT TTGTTCCACT GATACTAGAA 60
45 ACGGTCTGAT GTTAGAGCTG GAAGGGATCT GTAGTATCAC GCAGTCCGAT TCTCTAATTT 120
TCCACATGAG AAAATGAAGG TCCAGAGGAA GCAGAGACTT AACTCACAAA TCAGAAAAGC 180
GGTTCTTGCA GAACTGAGGC CATAGTGAGG ACTTTCTGCT TTCCACCATA CCACCTTGCC 240
AGTCCACACA AGAGGGAGGA TGTATTTTGG GGGGCATACA CTGAGGATGG AGAAAGATGG 300
CATCAGAACT GCTGGGTGAA GTGGTGGCTT AACTGGACTT TGACAGCTGC CTTTTGAAAA 360
50 CCCCAAACT AAACACACTG CATGTAATCA AAAGATGCTT ATACTAATAA TGACCTGTGC 420
TGTTCCCACT CAGTTGCTCT CTGTTTTCGA GAAGACATGA GAAGCTGCAA CATGACCTGG 480
AGTGGAACTG GAGAGTCACA TTTTGTGTTT AGCCACCTGC TGGGCAGCAG AGCGACTGCA 540
CCTTCCCAGA AGGCTGAAGT GTCGTGTGTC TGCACTCCAG TGGCATCTCT GCAGTGGTCA 600
GAGTGACCTG GTATAAGGGA GAGGGCATCA CCTTGCCCCC TGTGCTGACT CCTGCCCTTC 660
55 CCCTACAGGA GAGTCCATCC CGATCCGGCT CTTCTGGGCC GGGTATGAGC TCACGCCCCA 720
CATGCGGGAC ATCAACAAGA AGTTCTCTGT GCGCTATTAC CTCAACCTGG TGCTGATAGA 780
CGAGGAGGAG CGGCCTACT TCAAGCAGCA GGAAGTGGTG TTGTGGCGGA AGGGTGACAT 840
CGTACGGAAG AGCATGTCCC ACCAGGCGGC CATCGCCTCA CAGCGCTTTG AGGGCACCAC 900

```



CTCCCTGGGT GAGGTGCGGA CCCCCAGCCA GCTGTCTGAC AACAACTGCA GGCAGTAGGC 960  
 CCCCAGGGCC GAGAAAGATGC TGGGCACCCA CCCAGCACCC CCATCTACCA ACACCAGCGG1020  
 CTGGGGGCGG GGGCGGACCT TGTGAGGCTC AGTTGACCCG TTA CTTGCAA CCTGAAAACA1080  
 AATCATGTTT TTGACTTAAA TTCTTTTCTC TGGAGAACCC AAGGGGCTTG GGGTGGGAAG1140  
 5 CAGTCTCTCC TTGGGATTCT GCGGCCGATG TGGGATAGAA GAGGTAGCAT CCTGGAAGCC1200  
 AGCCTCTCTG GGGAAACATGA GCCCCTTCC TCGGGGGGCT GCCTTGCGTC TTAGAGGAGG1260  
 GAGAGCAGAG AGCACGCATC CTGGCTCCT GGCTCTCTGA GCTTCCTGAT ACAGGATCTG1320  
 AGCATGTCCC TGGGATTCTG AGCTGCCAAC AGGGCCCTGG GTAGTCACAT CTTGTACTCC1380  
 CCTTTGCTGT CCCGGAGGTA GTGGCAGGAG TTGGGCCAGC CCCCACTAAG TGGCAGGGGA1440  
 10 AGACTCACGA TTGGGAAGCT ACCTCTTTGG GAATCTTGGA TGTGGTGATC TCAAGTTCCC1500  
 ACAGGCCACC TCCTTCTGGC CACTACTGCT TGGGACCCAG GCACCTCCCT TCTCCACTCT1560  
 CTCTGGATTG TCAGTAATGT CCTGGAACAG AAGCCTGTAG GATGGCCTTG GGCACGGAGA1620  
 AGCCCTGGGG TCAGTGTCGT GCACGGATGG CCGCAGTGT GAACCCAGGA GGCTGAACCC1680  
 GGCCCAACCAC GGAAGATGAG TGCATGGCAA CCGCCTGCCT TCACGTCGCT CCACCTGGTA1740  
 15 ACCCCAAGGT CTGGGCTGTT CTAGGTATTG CTTCACGTGC CCCAGCAAGC CCTTAACAAG1800  
 AGGGCCTGGT TCCCTGAAGA ACCAATCCCA GGAAGGGGCC TTGATCCCTC CGCCTTGCTG1860  
 AGAGTGAACC CTCGTCTCTC CTCACCCCTCC ATTTCAATTC TGGGAATTGG GGCTTAGTTT1920  
 CGAACCTTTG GCAAGGCTGT TCTTACTAAT GCCCAAGCCC CTTTACCCCT CTCCCTATAG1980  
 GTTACACAGG GGAGACCAGG GCCTCGGCAG AAGACTGCTG CCACACTTCC GAATCATTCT2040  
 20 GCTTGCCAAA TAGGTCATCT TCACCAAGTT ACTGACCCAA GTTTAGGACC ATTGGTATCG2100  
 TGTGTTTAAA AAACACATAT AAAAAAACTC TTGTGAATAT TCTTGTTATG CTAGAGAGGA2160  
 AGGTACTTCT CCCTCTACGG CTCTGCGCTG GGGCCTATGG TAGTAAAGTT GTTTACTGTC2220  
 CTTTTTCTGC TTTCCCTGGA AATGACAGGC ATTACTCTCC CATTGGCCTC CCTTCCCTTT2280  
 ATAGAAAGAC CAAGCAGGCC CCACTGGCCA AGAGGTACGG TATTTGGCAG TCTGAGTTCT2340  
 25 CAGTAATTTG GAAAGTTAAG GAGTTGGTTC CTGTGTCACC TTTCAAGTTAG TGTGGGAAAG2400  
 GAAGACTTCT GTTTTCTCTGA GATCAGTGCA GTCTCAGGCC TTTGGCAGGG CTCATGGATC2460  
 AGAGCTGAGA CTGGAGGGAG AGGCATTTTC GGTAGCCTAG GAGGGCGACT GGCGGCAGCA2520  
 GAACCGAGGA AGGCAAGGTT GTTTCCCCCA CGCTGTGTCC TGTGTTTCAGG TGCGACACAC2580  
 AATCCTCATG GGAACAGGAT CACCCATGCG CTGCCCTTGA TGATCAAGGT TGGGGCTTAA2640  
 30 GTGGATAAGG GAGGCAAGTT CTGGGTTTCT TGCCTTTTCA GAGCATGAGG TCAGGCTCTG2700  
 TATCCCTCCT TTTCTAGCT GATATTCTAA CTAGAAGCAT TTGTCAAGTT CCCTGTGTGG2760  
 CCCTTCCCC CAGAG 2775

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 605:

35

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 944 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 605

GAAAAGGGGG AGGGGGAGTG ACAATCTTTG CTTGGGGCCT ATGACTTCTC CAGCCCCAAG 60

```

GGGAGATGCC ACCGGGAAAT CCCCCAATGT CCACTAGGGG GCAGGAGGCC ACCGTTCTTC120
GTACTCCGGA GAACCTGGCT GGAGAGCTCT TTCTTGTTCA CCCTTCCCAC CAGACTAAAA180
GGTCATCGCA GATAACGTGA AGGACTGGAG CAAGGTCGTC CTGGCCTATG AGCCTGTGTG240
GGCCATTGGT ACTGGCAAGA CTGCAACACC CCAACAGGCC CAGGAAGTAC ACGAGAAGCT300
5 CCGAGGATGG CTGAAGTCCA ACGTCTCTGA TGCGGTGGCT CAGAGCACCC GTATCATTTA360
TGGAGGCTCT GTGACTGGGG CAACCTGCAA GGAGCTGGCC AGCCAGCCTG ATGTGGATGG420
CTTCCTTGTT GGTGGTGCTT CCCTCAAGCC CGAATTCGTG GACATCATCA ATGCCAAACA480
ATGAGCCCCA TCCATCTTCC CTACCCTTCC TGCCAAGCCA GGGACTAAGC AGCCCAGAAG540
CCCAGTAACT GCCCTTTCCC TGCATATGCT TCTGATGGTG TCATCTGCTC CTTCCTGTGG600
10 CCTCATCCAA ACTGTATCTT CCTTTACTGT TTATATCTTC ACCCTGTAAT GGTGTTGGACC660
AGGCCAATCC CTTCTCCACT TACTATAATG GTTGGAATA AACGTCACCA AGGTGGCTTC720
TCCTTGGCTG AGAGATGGAA GCGTGGTGG GATTGTCTCC TGGGTTCCTT AGGCCCTAGT780
GAGGGCAGAA GAGAAACCAT CCTCTCCCTT CTTACACCGT GAGGCCAAGA TCCCCTCAGA840
AGGCAGGAGT GCTGCCCTCT CCCATGGTGC CCGTGCCTCT GTGCTGTGTA TGTGAACCAC900
15 CCATGTGAGG GAATAAACCT GGCCTAGGA AAAAAAAAAA AAAA 944

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 606:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 20 (A) LÄNGE: 1939 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 606

```

40 CCAGTCAAGA ATCTCCCACT AAGCTTCAAA GTAGTGGATT ACAGCATGGC AACCATGCCA 60
GTAATTTGAA ATTTAGTAGA GAGGCTTTTC CTTAGTAGAG ATGGGTTTTT GCAGGCTGCT 120
CCCGAATCC TGACCTCACC CCACCCCGCG CAACCCCGCC ATCGGGCCCC CAAAGTGCTG 180
GGGTTACAGG CTTAAGCCAC CAAGCCCGGC CGACCTTCTT CTATTTTTC ATTCTCCTTT 240
45 CCAAAGCCAT GGCCATGCGC TCCTGTGTAC AGGTGCATAA ACACATCAGT GTGCCATCCC 300
TCACATGCAT GTCGTTCCCC ACCCTCCTT CCCAGGGCTT CTCTTGCTC CAGCGTTCCT 360
CTGGGACCCT CTGCAGATAC AGCCTGTGCT GGACCCCGAG CCAGGGTGAG GGCTCATCT 420
GCTCTGTCTT CCCCCTGCC TCAGTTTCCC CCAAAGCTG CTTTCACGTC CTTCTAGTAG 480
GGGGCCTCCC ATGGGGGCAA GGATCCCTT TAGGATTCAA TCTTTCCTCT TTGGGAGTT 540
50 TTGGCTTTGA GTCCCCCAGG GATCAGGGT AGAATGAAGA AGAGCTCAGT GAGCGGAATG 600
ACAGCAGCTG GGTGGGTGGT GTGGGGAGAG GCTGAGGGGA AGGCAGCTCT AAGACTGGGA 660
GTGGAGTTCC TGGAGGTGTG GGGAGGGGG CGTGTTCCTA ATTTAGAAA ATCTCAGCCA 720
GCTCGAGCCG AGAGAGAATG CGAAAGAGGA AGTTCGGAAG GAGCGAGGAA TGGGGTGGGT 780
GGCAGCGGGG GCGGCTCAGT CGCTGTGCTT CTTGTCCACC AGCACGGCGT CCGACTCCTC 840
55 GGTGATCTCC AGCAGCGCGT GCACGTCGGG GCTGCTCCCG CGCCGAGGT CGCCGGCCTC 900
CCCCGCTCC GCGCGGCCCT CGTCGTCGTC GCGGCCACC TCCACCATCT CGGTGGCCTT 960
GAGCACTTCC ACCTGGCCCT CGCGGATCTT CTTGACGTGG AAGGTGAAGG GTGGCACCTT1020
GTAGACCGCG GTCTTGGAGC GCGCGTACAC CACGTGGTCG GCGGTGAAGG ATTTGCGCAA1080

```

CTTGTCCCCG GACGTCTTCA GTTCTCTCGC CCGCTCGGCG GGCACCAGGC GCGTGCCAG1140  
 CTTGTTCATG CGCTTCTCCA GGGTGTGCCG CGTCTTCTCC AGGTTTTCCT TGGTCTTGAG1200  
 GCGCGTCTTC TCCAGGTTCT CGCGGGTACG CACCTTGGTC TTCTCCATCT TCTCCTTGGA1260  
 GAAGGCCCTT TTGAAGTCGT CCACGCGCCG CAGGCCCTGC GCTTGATACG CTCTGCGCGG1320  
 5 GACTCCTCAA TAACCTCCTC AACCTCCACC GCCTCGTCCG ACGAAAGCTC CAGCGCCGCT1380  
 GCGTCTCTCT CGGGCCGCTC GCCCTCGCCC AGCTCCTCGC CCTCCTTCTC TGGCAGCGCC1440  
 TCCGACTCTT TCAGCGATT GCTGATGCTC AGTTTGGCCG GCAGCTTCAC TTCATCTGG1500  
 TAGATCATGA CTTTAAAGTT GCGGCGCCGC AGCAGCTCGG CCTCGTTGAC CTCCAGCTTC1560  
 TTGATCTGCC CCGCCTGGCG CTCCAGGCTG CCGCGCACGG TCTTCACGTT GACGCTGACC1620  
 10 TTGCGCACCT TCTCCAGCAG CTTGCTCACC GTATTGCTCG TGGTGGCGTG CGCCTTGCCC1680  
 AGCTTGCTCA GCTCGCCCTG GATGCTCTGC ACTGCGCCCT CCATCTCCGC CTGCCGCTCC1740  
 TCCAGCTGTG CTTGAGTCAG CTGGATCTGG TCTACGGCCC CGATGATTTT GTCCAGGAGG1800  
 CTCAGCACCA GCACGCCGT CACCTGGTCC GACTTGATCA GCTCTTCTGA GCCGGCCCCC1860  
 GACGGCTCCT CCGCTGCCTG AGCCCCAGCG GAGGAAGCTC CGGGGCCTCG GCGATCGGGG1920  
 15 TACCCGGGCA AGCGGCCGC 1939

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 607:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 1570 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

35

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 607

40

GGCACGAGGA AGTTAAGATC ATACATGCGG ATGTGCTGGT AACCTGCAAG AAGCAATCAT 60  
 GCTGCGGTCC GGTGTGACCT CCCAAGGCAT TCACCCTGGG AGTCCCTGGT GCTGCACCCC 120  
 AACCAGGCA GAGTCATCG TGGGTGACCA GAGCGGGGCT ATCCACATCT GGGACTTGAA 180  
 AACAGACCAC AACGAGCAGC TGATCCCTGA GCCCGAGGTC TCCATCACGT CCGCCACAT 240  
 45 CGATCCCGAC GCCAGCTACA TGGCAGCTGT CAATAGCACC GGAAACTGCT ATGTCTGGAA 300  
 TCTGACGGGG GGCATTGGTG ACGAGGTGAC CCAGCTCATC CCCAAGACTA AGATCCCTGC 360  
 CCACACGCGC CGTACGCCCT GCAGTGTCGC TTCAGCCCCG ACTCCACGCT CCTCGCCACC 420  
 TGCTCGGCCCT GATTAAGACG GTGCAAGATC TGGGAAGGACG TCCAACCTTC TCCCTGATGA 480  
 CGGAGCTGAA GCATCAAGAG CGGCAACCCC GGGGAAGTCC TCCCGCGGCT TGGATGTGGG 540  
 50 GGCCTGCGCT CTCATCGGGG GACTCCAGT ACATCGTCAC TGCTTCCTCG GACAACCTGG 600  
 CCCGGCTCTG GTGTGTGGAG ACTGGAGAGA TCAAGAGAGA GTACGGCGGC CACCAGAAGG 660  
 CTGTTGTCTG CCTGGCCTTC AATGACAGTG TGCTGGGCTA GCCTGTGACC CCTCGGGACN 720  
 TGCCTGTTGC AGGTGTTGGC AGCNTGGAGG GACCCATGCA GCACCCAGGT CAGAGCAGAC 780  
 CCNTNCCCT NGCCNGGCCCT GCGCCANGCT GGNACCTGAT GGCCCCCTGT GGCGCCTTGA 840  
 55 CCTGTGGGGC CAGGCTGNCC CTGGGACTCT CAGCCCCCAN GTTGCTTATC CANGATGTGA 900  
 CAGAGCTCGA CCCAAGCCAG GCTGCACACT CCTGGACNTG GGCTAGCCTG CACTGCCNTG 960  
 GGAAAGNTCN GCCGAGGGCC CANAAGCTGC TGAGGGGTNC TGAGGCTGGT GCCCACCCTG 1020  
 AAGCTAGTGT GTTCTCTGCC CCTCCCTGCC CGCGTTTCAG GGCTCGGTC CATAGAGAAC1080

ACCACCACCA TGGCCAGGTG GAAGGGTTTA TTAGTCCCTG CCAGCAGCTG TCCTCCCTGG1140  
 TGCAGGTGGC CTGGCCAGCC CACTGGATTG GGGACGGGCC AGGCTGGGCC AGGTGCGGGG1200  
 CTCAGTCTGG GAGGTAATAA AAGCAGACCG ACACGCAGAT GTTGCTCGGG AAAAAAAAAA1260  
 5 AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA GCCTGTCTCC GGGGCCCCCTC TGCTCGCCGG GCCCAGTAGA1320  
 TGGGGGTCCCT CATGCACAGG CGCTGCACCA AAGCCCCCGC CTGGGCGGTA GCCACTTACG1380  
 AGGCTCCCCCT GCACTGCCAG CAGCTCCTGG GTGTGGTGGG TGTCTGGCT GGGGACCCAA1440  
 GCCTCTTGGG CCTTGGAGGT ATCCACCAGC AGCCGCAGGT CTCCCGATCA CTGTCTCCA1500  
 TCAGGCGGAG GAAGCAGACC TGGTGTCTCT CAGGGCGGTA ACAGATGCAG CCGCTCTGCC1560  
 10 CGTCGAACAG 1570

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 608:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1768 Basenpaare  
 15 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 20 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 608

35 GCACAATCCC GGCTCACTGC AACCTCCAAC TCCTGGGTTC AAGCGATTCT CCCGTCTCTA 60  
 CAAAGTATAC AAAAAAATTA GCCAGGCATG GTGGTGCGTG CCTGTAATCC CAGCTACTTG 120  
 GGAGGCTGGG GCACAGGAAT CCTTTGAAC TGGGAGGCAG AGGTTGCAGT GAGCTGAAAT 180  
 GCACACTACTG CCCCCCAGCC TGGGCAACAG AGCAAGACTC TGTCTCGAAA AAAAAAAG 240  
 AAAACAATGA AGGAAAAGGA GGGTGAGTTA GCTGGAGTAG AATAGAGGTA TAGAATCGTT 300  
 40 CCTAAATAAC CGGCTGCATT GGTTCCTGG AGACTTGCTA AAAACCCAGA TTCCCAGGCC 360  
 CCACCTCTTG GTGCTCCTAA TTCAGTAGCA TCACAGTAGG GTTCCAGAAG CGGTATTTTT 420  
 AACAAGCTCC CAGGTAATTC TGATGTGCAC CTAGATTTGG AAATCACTGT GTTAAAAAAT 480  
 ATTGTGAGGT AAGTTGGTCA GTTAGGTTGG GCAGCTTTTA TTTCATTGCT AAGGGATTG 540  
 GACTTGATGG TGTAATAAAG CATTAATTGA ACAAATATTT ATGGAGCCTG TACTATGTAC 600  
 45 CAGATGCAGA CTGTGCTAGC GGTGGGGAT ACAGTGATGA CTTGGTCTGC CTCTAGGTGG 660  
 CAGGGAGCCA TTTTGGGTTT TCGAACAGAA AAGTGACATA ATGAATGCTG AGTTCTTAGG 720  
 AAGATTAATC CAGGAGTAGT CTCCAGGATG TACTGGAAGG AGAGAAGCTG AAACCAGGGA 780  
 GGCTGCTGTG TTTGCAGTTG GCTGCCAGT GCTACCTCTG CAGAGACAAT CAATGTCTG 840  
 AAGGTAGCTG GTATGTCTGT GTGCACTGAC ACGAGCCTTC CTACCAAGCC CCAGGGGCTC 900  
 50 CATGCTGGAG AATGCACGTA GGGCTAGGCT GAGCACTAAC TTCACTTCAG GAGAGCAAGG 960  
 AACAGTGTGG CTCTTCATT TTTCACTTCT GTAAGCACAT CACCCTTTTC TCCTCCCCTT1020  
 GAGCTGTGTT CTCTGACAGC TGTTGTGTTG TAAAGCCAGC AGCCCCATAA GCACGTCCA1080  
 GCCTTGCTCT CTCTGTGCTT TCCCCACCA CTGCTGCTGC ACGCCTCATT TGCTGGGCCA1140  
 CTTTAGTGGT GGAACCATTG GAGCTGAGT GACTTAAAGG AGATTGAGTC TGTCTCGACC1200  
 55 CCGAGAGAGA GTGGGATGGA TGGATGCATC GTCTCATTTA GAAAGTGTG CCTCTGACTC1260  
 TAACACACTC TTCTCTCTTT CTTTACCGCC CTCCCTGTGT GCGTCCCTGG GGGGGCGTGG1320  
 GCTAAACCCC TTCCGTCCCC CTTTCTCCTT CTCTCTCACA GTGTAGGCAC CACTTCTCTT1380  
 ACAATTTAGG CTTTCTCTCT GCCTTGGGCT GAGTGAGGAA GAGGAGTGCT GTTCTGCTT1440

TCCTAGCCCA GCTGGGTCTG ACCAGAGGCT ACTGTGTACC CATTTACCAT GCGTGATTGT1500  
 TAACTCAGAG TGGGGTGTAG CCAGGTATTG ACTGAATGTA TGTTCTTGCT GACCTGTGTT1560  
 TTTTCTGTGA GGGACCAAAG CAGTATCCTT ACAATAATCT GTACCTGGAA CGAGGCGGTG1620  
 ATCCCTCCAA AGAACCAGAG CGGGTGGTTC ACTATGAGAT CTGAGGAGGC TTCGTGGGCT1680  
 5 TTTGGGTCCT CTAAC TAGGA CTCCCTCATT CCTAGAAAT TAACCTTAAT GAAATCCCTA1740  
 ATAAACTCA GTGCTGTGTT AAAAAAAA 1768

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 609:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1001 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 609

TAAGGAGACT GAAAGGTGAT TCATTTAGTG AGTAGCGATT ACAGAATTTT TAAAACAGTG 60  
 GGGGCGGGGG GGGCGGCGGG GAGGAGGGCT GGAATTGTCC TCCAGCGCAT ACAAGGTTGT 120  
 TGCTGCCAGA GAAATCCAGC AGGAAAGAGC AGCATTCTTT CACCTTTTCC GCCTCTGAAG 180  
 35 CGGAGGAGAA CTTTATTCC CAGCAGCCCT TAAGATTCCT CCGCGCACTG CGTAGCGTCT 240  
 CCGGCATTCT GCTTTCGGGC GCTCTGCCCT CCGGTGCGTC GTTACGGCC AGTTTGAACC 300  
 AAAGACGCCC AANGGTTGAG GCCGAGNTTC CAGAGCATGG GGTCTCGGTT GTCCCAGCCT 360  
 TTTGAGTCCT ATATCACTGC GCCTCCGGT ACCGCCGCCG CGCCCGCAA ACCTGCGNCC 420  
 CCCAGCTACA CCCGGAGCGC CGACCTNCCC CNAGCAGAAC ACCGCCTNGT TGAAGANCCT 480  
 40 GCTGGAGCTG TCGNCGTNGC TTTCTGGGTT GGGGCTGATG GGGGNNCGGG CGGGTACGTG 540  
 TACNTGGGTG GCANCGGAAG CCCATGAAGA TNGGATACC CCCGAGTNC CATGGACCNA 600  
 TTACNGCAGA TGGTCATCGN NGCCTCANGC NATTGCCACC TNGGGGTANT CGTTGTNCAT 660  
 NGGCAGACCC CAAAGGGAAN GGCCTANCCG CGTTGTTTNG AAAGNTACCA CCANGTGAAT 720  
 NCTGTCTTCT GTCTNCTNGT CCCNTTTNCC CCGTGACACA CAGAGCAGGC ATGGAATTTA 780  
 45 ATGGGNTGTT CTGGNACNAG ACACCTGTAC ATGGACAGAC ATCACTACTN NGTGGATACT 840  
 NNACAAGACT GAAAAGNAAA ATCGTATGTT GTCATTCNTC TGGCTANTGG AGTGTTTGTG 900  
 GCCTTCACAG ATTTTCACAGG AACCATAAAA TCCCTCAGAG AAGTAAAAA NAAAAAAA 960  
 AAAAAAAA AAAAAAAA AAAAAAAA AAAAAAAA A 1001

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 610:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2515 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

55

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 610

```

GGTGTGGAAA CTA CTACTGCAAA TAGTAGCACT TCACTGAGAT CTACAACCTCT TGAAAAAGAA 60
GTTCTGTGCA TCTTCATCCA CCGTTTAAAC ACTGGATTAT TCCGGATAAA AATTCAAGGA 120
20 GCCACTGGAA AATTTAATAT GGTCATCCCT CTTGTGGATG GGATGATTGT CAGCAGGCGA 180
GCTCTTGGCT TTCTGGTGAG GCAGACTGTA ATTAACATTT GTAGAAGAAA GAGACTGGAA 240
AGTGACTCCT ACAGTCCCCC CATGTCCGCC GGAAACAGAA AATCACCAGC ATTGTCAACA 300
AGTACCGGAA CAAGCAGCTG GAGCCAGAGT TTTATACTTC ACTTTTCCAG GAGGTGGAC 360
TCAAGAACTG CAGTTCTTAG ACCACTGAAT TTCTAAGACT GTTGAACCTC AGTTTGGGAA 420
25 CTATAACACA GCAGAACAGT TTGATAGGTG ATCACTGTAA AAATAAAAAC AAATCACTCC 480
CAAGAGCTTA CTGTTTAATC ACCAGAATAG AAGAAACACA TTATAACCCA TTGATAGAA 540
GACTTTGGGC TATCTAGTGA AATGGGCTCC CAGACACAAT CATACTCCTG CTGATAATGA 600
TGATATACAT TTTAGCCATA AACTTTCTTT TAAAAGTGAC AATTTTAGTT AAACATAAGC 660
CTTTTGAGGA GAAAGGCTTT TATGCATCTC AGTTAAACAC GTGCATTGGT AGTATCAACA 720
30 AATTTGCAAT ATAGAAGTTG AAGATAGTTT TTTNCCCTAC TTTTTAGGAG GCTGTATTCA 780
AAATTAATAA CTCAGAATCT TACAGGACAT TTAAGGACT CATGTTGATA GCATGGAGGA 840
GAAGGAAAGA AGTCACAGCC TTCTACTCAG TTGTAGGTCT TCTTGTCATC CAGCTGTCAC 900
ACTGACAAAA AGAAAAGATG ATANCATGTT TTTTGTCTCA GATAAGAAGC CTGACATTAA 960
AAGATGTCAT ATTTTTTCTT CCACATTICA AAAAGTTGTC CTTCTCATCA CTGCACAGAT 1020
35 CTGTCTGAAA GCCTCAGTTT CTGAGTGACC CAGGAACAGA TCAGAAATGG AGCATGGCCT 1080
TGTCCTTTAA TGGGGATGCA AATAAAGTTT GTGGGGTTAA AAGTTATAAG ACAGCAGTGA 1140
TACCCCACTC TCTCCATTAT TGTCCAGCGG GGTGACATAA TGACAGGTTA AATATTGTG 1200
ATTCATTGAT TAAATATTAT TTAAGAAAT GTAAAAAAA AAAAAAGGTT GAAAATTATT 1260
TGGTTTCATC CATTGTCTCT TATTTAGGA CCAAGCAGCA AACTGCAGTA GTTTGTGAAG 1320
40 GATTCTAATA TGGGGTTCAG GAATAGCCTC TCAACGCTAC TAATTCAGAT CTCTCCAGA 1380
GAACTACTGG ATTTCCCTCAT AATTGACAAA CATGAGTGAC CACCTCTTTG GGTGGCTACT 1440
GTTAGAAATG GCTGTTGTCA TGTTTTCTGG ACTTTGCCAG CCAACAGATC CCTGCCAGGT 1500
TTTGGAATAA CTTCTATTAC CTCGCTGCTA CTTTCTGCA GGGATAAAAC TTTTGNAGGT 1560
GGCCAGACCC AGAACATCCA AGGATTCTCT TTACAGTGCT ACAGTATACA CTGCTCATTT 1620
45 ATCCTATTCT CATGTGCTTT CTTCTTTAGT AAGATTATTT TAAGAAAATA AGTGATATTT 1680
AAAGTCCAAA GAGGAATGAT CACAGTTGTA TAAGGGGTGT TTTCCCACTT GAACTCTGAT 1740
GTCAGTCGAC TGTGGGTCAG AGCTACAACC ATCTGTTTGG TTTGATGTTT TGGTGGTTTA 1800
CTTACGGAGT GGGGATAGTG TGAGACCTAA TTCCCTGTGC AAATGTCTCT TATTCCAGAA 1860
ATGTGCATTG TGTCATCTAT AAGCAAGAAA TATGGGCATA GCAGCTCTTG GTTTAAANGT 1920
50 TTGCCATAAC CTGTTTATGT TTGTTTAAAG CTCAGGTAAA GATAACCTCC NTCTTTCTAT 1980
GACTCCAGTT TCCATTGAGG TTATAGTATT ATTCAATAGT TGATTTTCTT TTTAAGCTNG 2040
GGCAATAAAT TGATGTTTCC AGATGGTAAC ATGGGANGAG GGCATATAGG ATAAAGATNG 2100
AGCAAATTCT ACCCTAAAAA TGNTTCTAGT AGTTCACAGG AAGAAGATGA GGTTTAATAA 2160
CTTTCAAGGT AATTCTAGAT TGACATTTTN GAGGGGAAAA TGGGCTCTTG TTCTAGTTGA 2220
55 AGTGAGCAGA GAANGGCTAT NAAATTAATA TGTAANCTTA CAGCATTCCA GAGGTAAAAA 2280
ATAACTGATG CAGATGTACT TCTTCAGTGT GATTCTTCAG ATCAAACCTT TACTTTTGGC 2340
ATAGTTAATT TCAGAAAAAT GTGCTGTATG TGTGTGTGTA TGAGGGTTGG TCTTGCTGAT 2400
CCTTCAGTTA GCTCTAAATT CTGGCAACTC CTTGTAATTC CCATGTATTT GATACCATGA 2460
ACCAATCATG TTGAATGCGT TTGGTGATCT GGGGAGCCTC CCCCCTCTTC CCAGG 2515

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 611:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 818 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 611

25 TTTT TTTT TTTT ATTTAAAGCC TGGATTGTAA CCAGATTTTC TTTT TTTT CCCC CTTCTCAGCT 60  
GTAGATATGA TATCTCCTTT CAGGGCCCCA GCTTAAGGGC AAAGTGAGTT AATGTGTAGA120  
CAAAGGCGAG GGACAAGAGA GAGTTAACAT CTAGACAGTG GAAAAAGCCA TGGTGTGTGG180  
TTTCTGGGAA CCACCAACAC TTGCAGGTTT AGCTTTTTC CAGGGTTGAC TACAAGAAAG240  
30 AAAACCATGT TTTTGCAAGA TTAATATGTG GTTGAGTGTG CCTAAATTAA CCATCCCCAT300  
TTTTATCATA TTCCACCAT CACTTCAGGG TTTTAAGAGT CAGTGCTCAC CTGGGCGGAG360  
CTGGTAGTAC ATTTTGCTTC TTAGAAAGCT AAGTCCTGGG TTCCGTCTGA TTTTAGGTTC420  
CAGGAAGTTC CTGAGAACAC CCGATCGCAG AGGGTAATT TCTGGAGTTT GTTTTGCAGG480  
GATAGCTGGG AGTATGGCCA CCCTGCTCCA CGATGCGGTA ATGAATCCAG CAGAAGTGGT540  
35 GAAGCAGCGC TTGCAGATGT ACAACTCGCA GCACCGGTCA GCAATCAGCT GCATCCGGAC600  
GGTGTGGAGG ACCGAGGGGT TGGGGGCCTT CTACCGGAGC TACACCACGC CAGCTGACCA660  
TGAACATCCC CTTCAGTCC ATCCAATTCA TCACCTATGA GTTCCTGCAG GAGCAGGTCA720  
ACCCACCG GACCTACAAC CCGCAGTCCC ACATCATCTC AGGCGGGCTG GCCGGGGCCC780  
40 TTGCCGCGGC GCGGAGGGC CCCCTGGACG TTTTAAGA 818

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 612:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 1024 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

5

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 612

10

GCGGTCGGTA GTGCGGCGCT GTTTAAAGAT GGC GGCGGAG GAACCTCAGC AGCAGAAGCA 60  
GGAGCCGCTG GGCAGCGACT CCGAAGTGTT AACTGTCTGG CCTATGATGA AGCCATCATG 120  
GCTCAGCAGG ACCGAATTCA GCAAGAGATT GCTGTGCAGA ACCCTCTGGT GTCAGAGCGG 180  
CTGGAGCTCT CGGTCCTATA CAAGGAGTAT GCTGAAGATG ACAACATCTA TCAACAGAAG 240  
15 ATCAAGGACC TCCACAAAAA GTACTCGTAC ATCCGCAAGA CCAGGCCTGA CGGCAACTGT 300  
TTCTATCGGG CTTTCGGATT CTCCCATTG GAGGCACTGC TGGATGACAG CAAGGAGTTG 360  
CAGCGGTTCA AGGCTGTGTC TGCCAAGAGC AAGGAAGACC TGGTGTCCCA GGGCTTCACT 420  
GAATTCACAA TTGAGGATTT CCACAACACG TTCATGGACC TGATTGAGCA GGTGGAGAAG 480  
CAGACCTCTG TCGCCGACCT GCTGGCCTCC TTCAATGACC AGAGCACCTC CGACTACCTT 540  
20 GTGGTCTACC TGGCGCTGCT CACCTCGGGC TACCTGCAGC GCGAGAGCAA GTTCTTCGAG 600  
CACTTCATCG AGGGTGGACG GACTGTCAAG GAGTTCTGCC AGCAGGAGGT GGAGCCCATG 660  
TGCAAGGAGA GCGACCACAT CCACATCATT GCGCTGGCCC AGGCCCTCAG CGTGTCCATC 720  
CAGGTGGAGT ACATGGACCG CGGCGAGGGC GGCACCACCA ATCCGCACAT CTTCCCTGAG 780  
GGCTCCGAGC CCAAGGTCTA CCTTCTCTAC CGGCTGGAC ACTACGATAT CCTCTACAA 840  
25 TAGGGCTGGC TCCAGCCCGC TGCTGCCCTG CTGCCCCCT CTGCCAGGCG CTAGACATGT 900  
ACAGAGGTTT TTCTGTGGTT GTAAATGGTC CTATTTACC CCCTTCTTCC TGTCACATGA 960  
CCCCCCCCCA TGTTTTATTA AAGGGGGTGC TGGTGGTGAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 1020  
AAAA 1024

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 613:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1322 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
35 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 613

GCTGACCACG ACATGTGTCT CCTCCTCTGC ACCTTCCAAG ACCTCCTTAA TAATGAACCC 60  
55 ACATGCCTCT ACCAATGGAC AGCTCTCAGT CCACACTCCC AAAAGGGAAA GTTTGTCCCA 120  
TGAGGAGCAC CCCCATAGCC ATCCTCTCTA TGGACATGGT GTATGCAAGT GGCCAGGCTG 180



TGAAGCAGTG TGCGAAGATT TCCAATCATT TCTAAAACAT CTCAACAGTG AGCATGCGCT 240  
 GGACGATAGA AGTACAGCCC AATGTAGAGT ACAAATGCAG GTTGTACAGC AGTTAGAGCT 300  
 ACAGCTTGCA AAAGACAAAG AGCGCCTGCA AGCCATGATG ACCCACCTGC ATGTGAAGTC 360  
 TACAGAACCC AAAGCCGCCC CTCAGCCCTT GAATCTGGTA TCAAGTGTC A CTCTCTCCAA 420  
 5 GTCCGCATCG GAGGCTTCTC CACAGAGCTT ACCTCATACT CCAACGACCC CAACCGCCCC 480  
 CCTGACTCCC GTCACCCAAG GCCCCTCTGT CATCACAACC ACCAGCATGC ACACGGTGGG 540  
 ACCCATCCGC AGGCGGTACT CAGACAAATA CAACGTGCCC ATTTCGTCAG CAGATATTGC 600  
 GCAGAACCAA GAATTTTATA AGAACGCAGA AGTTAGACCA CCATTTACAT ATGCATCTTT 660  
 AATTAGGCAG GCCATTCTCG AATCTCCAGA AAAGCAGCTA AACTAAATG AGATCTATAA 720  
 10 CTGGTTTACA CGAATGTTTG CTTACTTCCG ACGCAACGCG GCCACGTGGA AGAATGCAGT 780  
 GCGTCATAAT CTTAGTCTTC ACAAGTGTTC TGTGCGAGTA GAAAACGTTC AAGGGGCAGT 840  
 ATGGACAGTG GATGAAGTAG AATTCCAAA ACGAAGGCCA CAAAAGATCA GTGGTAACCC 900  
 TTCCCTTATT AAAACATGC AGAGCAGCCA CGCCTACTGC ACACCTCTCA ATGCAGCTTT 960  
 ACAGGCTTCA ATGGCTGAGA ATAGTATACC TCTATACACT ACCGCTTCCA TGGGAAATCC1020  
 15 CACTCTGGGC AACTTAGCCA GCGCAATACG GGAAGAGCTG AACGGGGCAA TGGAGCATA1080  
 CAACAGCAAC GAGAGTGACA GCAGTCCAGG CAGATCTCCT ATGCAAGCCG TGCATCCTGT1140  
 ACACGTCAA GAAGAGCCCC TCGATCCAGA GGAAGCTGAA GGGCCCCTGT CCTTAGTGAC1200  
 AACAGCCAAC CACAGTCCAG ATTTTGACCA TGACAGAGAT TACGAAGATG AACCAGTAA1260  
 CGAGGACATG GAGTGACTAT CGGGCGGGC CAACCCCGAG AATGAAGATT GGAAAAAGGA1320  
 20 AA 1322

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 614:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 4458 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

40

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 614

45

GCCCGGCGTT AACAAAGGGA GCCGATACCG ACCGGCGTGG GCGCGGAGCG GGCGGCGGCC 60  
 ACCGAGCGTG CTGAGCAACC GCAGCCTCCG CGGCCGAGAG TGCAGCGAGC AAGGGGACAA 120  
 AAAGTTCCGC AAAGCCC GCA CAACAGCAC CACAGAGAGA AGGGAAGAAC GGCATCCAGC 180  
 CCACCAGAAA TGGACCGACA CACCTCAGCA TCTCCAAACC CCGCAGACA CGTGACCATA 240  
 50 AACCAGCAA GATGAGTTT GATCATCTG AGAAAAATGG GCCTTGGCCT GCAGACCCAA 300  
 TAAACCTTCC CTCCCATGGA TAATAGTGT AATTCTGAG GACCTGAAGG GCCTGCCGCC 360  
 CCTGGGGGAT TAGCCAGAAG CAGGCTTGTT TTCCTGCTCA GAACAAAGTG ACTTCCCTGA 420  
 ACACATCTTC ATTATGATTC ACACCAACCT GAAGAAAAAG TTCAGCTGCT GCGTCTGGT 480  
 CTTTCTTCTG TTTGCAGTCA TCTGTGTGTG GAAGGAAAAG AAGAAAGGGA GTTACTATGA 540  
 55 TTCCTTTAAA TTGCAACCA AGGAATTCCA GGTGTTAAAG AGTCTGGGGA AATTGGCCAT 600  
 GGGGTCTGAT TCCAGTCTG TATCCTCAAG CAGCACCAG GACCCCAACA GGGGCGGCCA 660  
 GACCTCGGC AGTCTCAGAG GCCTAGCCAA GGCCAAACCA GAGGCCTCCT TCCAGGTGTG 720  
 GAACAAGGAC AGCTCTTCCA AAAACCTTAT CCCTAGGCTG CAAAAGATCT GGAAGAATTA 780

CCTAAGCATG AACAAAGTACA AAGTGTCTCTA CAAGGGGGCCA GGACCAGGCA TCAAGTTCAG 840  
 TGCGAGAGGCC CTGCGCTGCC ACCTCCGGGA CCATGTGAAT GATCCATGG TAGAGGTCAC 900  
 AGATTTTCCC TTCAATACCT CTGAATGGGA GGGTTATCTG CCCAAGGAGA GCATTAGGAC 960  
 CAAGGCTGGG CCTTGGGGCA GGTGTGCTGT TGTGTGCTCA GCGGGATCTC TGAAGTCTCT 1020  
 5 CCAACTAGGC AGAGAAATCG ATGATCATGA CGCAGTCCTG AGGTTTAAATG GGGCACCAC 1080  
 AGCCAACTTC CAACAAGATG TGGGCACAAA AACTACCATT CGCCTGATGA ACTCTCAGTT 1140  
 GGTTACCACA GAGAAGCGCT TCCTCAAAGA CAGTTTGTAC AATGAAGGAA TCCTAATTGT 1200  
 ATGGGACCCA TCTGTATACC ACTCAGATAT CCCAAAGTGG TACCAGAATC CGGATTATAA 1260  
 TTTCTTTAAC AACTACAAGA CTTATCGTAA GCTGCACCCC AATCAGCCCT TTTACATCCT 1320  
 10 CAAGCCCCAG ATGCCTTGGG AGCTATGGGA CATTCTTCAA GAAATCTCCC CAGAAGAGAT 1380  
 TCAGCCAAAC CCCCATCCT CTGGGATGCT TGGTATCATC ATCATGATGA CGCTGTGTGA 1440  
 CCAGGTGGAT ATTTATGAGT CCTCCCATC CAAGCGCAAG ACTGACGTGT GCTACTACTA 1500  
 CCAGAAGTTC TTCGATAGTG CCTGCACGAT GGGTGCCTAC CACCCGCTGC TCTATGAGAA 1560  
 GAATTTGGTG AAGCATCTCA ACCAGGGCAC AGATGAGGAC ATCTACCTGC TTGGAAAAGC 1620  
 15 CACACTGCCT GGCTTCCGGA CCATTCACTG CTAAGCACAG GCTCCTCACT CTTCTCCATC 1680  
 AGGCATTAAT TGAATGGTCT CTTGGCCACC CCAGCCTGGG AAGAACATTT TCCTGAACAA 1740  
 TTCTCCCTGT CTCTTTTAC TCTAGGGGCC TCTGTCAGCA AGACCATGGG GACTTCAAGA 1800  
 GCCTGTGGTG AGGAAATCAG GTCCAGCCTT CCCTGTAGCC AGACAGTTTA TGAGCCCAAG 1860  
 GCCTCCTGCC ACACACATGC ACACATATCT AGCATTCTTT CCAGACAGCA TCCTCCCGC 1920  
 20 CTTCCACCTT GGTAGATGCA AGGTCTATCT CTCCCATCAG GGCTGCCAAA GCTGGGCTTT 1980  
 GTTTTTTCCA GCAGAATGAT GCCATTCTCA CAAACCAATG CTCTATATTG CTTNGAAGTC 2040  
 TGCATCTAAA TATTGATTTC ACGNTTTTAA AGNAAATTCT NNCTTAAATT ACAATTGTGC 2100  
 CCAATGSCAGG GTGGNCTCTN NGGGGGGCAA GTAGGTGGTA CAGGGGATTG GAAACATCCT 2160  
 CCGCGCCTCC AGAGAAAAGT TGCTCCGAG TCCATGCCC CTGGAACGTG TTCCTATCAC 2220  
 25 TCTGGCTGGT TGGGCTGGTC CTTAGACTGG GTGCTTATGA TTAAGAGGT CTTGGTTAAG 2280  
 CCCACTTTCC CTCTCCATGT GGAGATGGAA GGTAGAGAAG GATACAGTGT CTATCCTCAA 2340  
 GTTGCTACGG TTCAGTGAGA GAGGCAGACA TCTGAACAGG NCAGGTAGGA TTCAGTGTGC 2400  
 TCAGTGCATC GGGGATTGG AGAGAGATGG GCTTGCTCTC TCTGTGCACC CAGGAGGGCC 2460  
 ACGCACTTAA AACTGTGTTT GTGGATCAGA GAAGGCTTTA TAGCACAGGG GGCATTGAGA 2520  
 30 TGAGTCTTAG AGGAAGAGAA GAAACATGGC AAGCAGATTA CATCTGAGCC GTTTGAATTG 2580  
 TGTTTTTCTT TCTTCCCATG TTTATTTTCT AAGATCTACC TGAACCTAGN AGACTCAAG 2640  
 TATTTTTTTA GGAACCTCC TACCCATGTC TGAGGTAGCA AGTGCAGCCT CACGACAGAT 2700  
 ACCAGGCAAT CCAGAGCCAC AAAACGTGAT TCCTCCAGGC TCTGCCTGGC CTGACCCTGT 2760  
 CCTGTCAGCT GGGTTTACAT ACCAGTCCCA TTCTTCCTTT TCAATACCTA CCCCCAAATC 2820  
 35 TTCTCCTAAC CACCATCTGT TTTTTTTTAA TTAAGCATT TTTTGCTTTA AAAGCATCCT 2880  
 GACCCCAATT TCTTTGAGCT CACGGGCCTT TTGCTGAAGG TCTCTCAGGG TGTAGTGGTG 2940  
 TGGCTCTCTG GACTTAACGT CACTCTCAGN AGGTCAGAAC CTTNGGAGAT CAGAAGTGA 3000  
 TCTCACCAGG TGTGAGAGGT GTGGNTANGC AGATTGCAAT GCTCTGCACC TCTTNCCTTG 3060  
 CAAGTGAGNC AACTTNCAGG NCTCTCTGGG NCAGAGGCTG GCCCACTGTA GTTTGCAGAC 3120  
 40 ATGCTCTCCA GATGGNTTTT ACTAAGTCCC CTCTCCCTGN ATANGGGAAT CCTGNCTGNN 3180  
 ACCAGCGCAN GCCCTNNGGT GTNNGANNGA GGTNAAAAG ACTTGNCACA GGNATCACCA 3240  
 AGTNCATGCT GNTAGANGCC AGGATTCCTA GACCCAGGGC TCTGCACTCT CAAGGCTGGC 3300  
 CCCATGTGCT CAAGGGGGTC TAATGTTTGG GTCCAAACT AACCATCTCG GAGCTGGGCT 3360  
 CCTCATTTAC TGCCAAACCC TCAGNCTTAT GTAGCNTAGA AAGGGCCCTG GANGTGNAGA 3420  
 45 AAGCCTGGAT TTTCAAATTG ATGCTCCCT ACTNGACTAG NCTGTGCCAC TCNTGGGCAA 3480  
 ATGCTCTTCC TTGAGCCTGT TTCCACACCT GTAAAGTGGG GATGATGATC CTATCTCACT 3540  
 GCTTTTNGTG NAGGATTACA GGNAAAGCA CCTGTCTCTG CTCTGTACCT GGCACGTAGT 3600  
 ANGGTGCTCA GTTCTCTTCC TGCTGTGACG GAGGCTAGTG TGGAAGAGGT CCTGTCTCA 3660  
 50 CACCTCGGCT GCATGCACCC TGCTGTGACG GAGGCTAGTG TGGAAGAGGT CCTGTCTCA 3720  
 GGGAAATTAAC TGTCTTATTG GGAGACAACA ACTGTCTCTC TTGGAACACC CAAGAAACCA 3780  
 TGNCAAAGCA GTGGACAACA CAGAACACGN CCCTCCTCCT CGCTGCCTGC AGCTNCCAAT 3840  
 CTGATTCTGC TTGGGAATGG GCGGANACG NTGGGCTGCT TAACTGCTGT ATAGGACAAG 3900  
 CCCCTTACCC CTCTCTGGGC CCATGAATTC CTGGCTTGGT TTATGTTCTG ATTTGACACA 3960  
 CTGATTTTAA TCTTCGAATC ATGACACTGA GTGCAGAGGA GGTGGCATTC CGACAGCAGG 4020  
 55 ACATACATGT TNGGTGTGAA GACTGGGACG ACATGGGTA GAATCTAGTT TTTAATTATT 4080  
 ATTAATATAA AGGATCAAT TAATTTAAAT ATGAATCTGA AGTCCACAGA ACTTTNNNNN 4140  
 AAGTGCTGTC CAGGCCAACA CTTTGGTAAA ATGCAAATTA TGATATGGAC GTTATCATTG 4200  
 GTCTGGTGAG ATGTTTCATA TTTGTGACAG TTAATTTAAA AATTATGACT TAATGCTGCC 4260  
 TGTGTCTATG GGGTCTGTCT TTCTTTGATA GCCATCTATT CATCTGGATC ATGGGACCTC 4320  
 60 CTCTAATCCT TCCACCAATC AAATAAGCTA TTGCTATTGG TTTGGAGTTG AGATATCAGT 4380  
 CTCGGAAACT TCTGAAAAAT GCTAATAATT ACCCAAGGAT TATGTCAAAT TTTAAATAAA 4440  
 ATGTGTGTGT GTTCTTTT 4458

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 615:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1562 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 615

25 TGGAGGCAGC TAGCGCGAGG GTGGGGAGCG CTGAGCCGCG CGTCGTGCCC TGCCTGCCCC 60  
AGACTAGCGA ACAATACAGT CAGGATGGCT AAAGGTGACC CCAAGAAACC AAAGGGCAAG 120  
ATGTCGCTT ATGCCTTCTT TGTGCAGACA TGCAGAGAAG AACATAAGAA GAAAAACCCA 180  
GAGGTCCTTG TCAATTTTGC GGAATTTTCC AAGAAGTGCT CTGAGAGGTG GAAGACGATG 240  
TCCGGGAAAG AGAAATCTAA ATTTGATGAA ATGGCAAAGG CAGATAAAGT GCGCTATGAT 300  
30 CGGGAAATGA AGGATTATGG ACCAGCTAAG GGAGGCAAGA AGAAGAAGGA TCCTAATGCT 360  
CCCAAAAGGC CACCGTCTGG ATTCTTCTG TTCTGTTTCA AATTCGCCCC CAAGATCAAA 420  
TCCACAAACC CCGGCATCTC TATTGGAGAC GTGGCAAAAA AGCTGGGTGA GATGTGGAAT 480  
AACTTAAATG ACAGTGAAAA GCAGCCTTAC ATCACTAAGA CGGCAAAGCT GAAGGAGAAG 540  
TACGAGAAGG ATGTTGCTGA CTATAAGTCG AAAGGAAAGT TTGATGGTGC AAAGGGTCCT 600  
35 GCTAAAGTTG CCCGGAAAAA GGTGGAAGAG GAAGATGAAG AAGACGGGGG GGGGGGGGGG 660  
GGGGGGGGGG GGGGGACGTA TAGTCGGGTC GGCTGGTGGA GTAGCCCAAA AGAAGGGGAG 720  
CGCCGTAATT GACACATCTC TTATTTGAGA AGTGTCTGTT GCCCTCATTA GGTTTAATTA 780  
CAAAATTTGA TCACGATCAT ATTGTAGTCT CTCAAAGTGC TCTAGAAATT GTCAGTGGTT 840  
TACATGAAGT GGCCATGGGT GTCTGGAGCA CCCTGAAACT GTATCAAAGT TGTACATATT 900  
40 TCCAAACATT TTAAAAATGA AAAGGCACTC TCGTGTCTC CTCACCTCTG GCACTTTGCT 960  
GTTGGTGTGA CAAGGCATTT AAAGATGTTT CTGGCATTCT CTTTTTATTT GTAAGGTGGT1020  
GGTAACTATG GTTATTGGCT AGAAATCCTG AGTTTTCAAC TGTATATATC TATAGTTTGT1080  
AAAAAGAACA AAACAACCGA GACAAACCCT TGATGCTCCT TGCTCGGCGT TGAGGCTGTG1140  
GGGAAGATGC CTTTTGGGAG AGGCTGTAGC TCAGGGCGTG CACTGTGAGG CTGGACCTGT1200  
45 TGA CTCTGCA GGGGGCATCC ATTTAGCTTC AGGTGTCTT GTTTCTGTAT ATAGTGACAT1260  
AGCATCTGCT TGCCATCTTA GCTGTGGACA AAGGGGGGTC AGCTGGCATG AGAATATTTT1320  
TTTTTTTAAG TCGGGTAGTT TTAAACTGT TTGTTTTTAA ACAACTATA GAACTCTTCA1380  
TTGTCAGCAA AGCAAAGAGT CACTGCATCA ATGAAAGTTC AAGAACCCTC TGTACTTAAA1440  
CACGATTCGC AACGTTCTGT TATTTTTTTT GTATGTTTAG AATGCTGAAA TGTTTTTGAA1500  
50 GTTAAATAAA CAGTATTACA TTTTAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 1560  
AA 1562

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 616:

## 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2278 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

15

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 616

20

```

GGCAATTTCC GTTAGGTGCT GAAGGCTGTG GCGCGCGGCT GTCCCCATTC CCACGTGAAG 60
CGCTACGCTA GCATCGCTCG GCTGGCGGCT CCCAGCTCGC CGCGGAGCAG TCCCGGCAGC 120
AGCGGGGGAC CGGAAGTGGC TCGCGGAGGC TCAGAAGCTA GTCCCGGAGC CCGGCGTGTG 180
GCGCCTCGGA GCACGGTGAC GGCGCCATGT CCCTAATCTG CTCCATCTCT AACGAAATGC 240
25 CGGAGCACCC ATGTGTATCC CCTGTCTCTA ATCATGTTTA TGAGCGGCGG CTCATCGAGA 300
AGTACATTGC GGAGAATGGT ACCGACCCCA TCAACAACCA GCCTCTCTCC GAGGAGCAGC 360
TCATCGACAT CAAAGTTGCT CACCCAATCC GGCCCAAGCC TCCCTCAGCC ACCAGCATCC 420
CGGCCATTCT GAAAGCTTTG CAGGATGAGT GGGATGCAGT CATGCTGCAC AGCTTCACTC 480
TGCGCCAGAG CTGCAGACAA CCCGCCAAGA GCTGTACAC GCTCTGTACC AGCAGATGC 540
30 CGCCTGCCGT GTCATTGCCC GTCTACCAA GGAAGTCACT GCTGCCGAG AAGCTCTGGC 600
TACCCTGAAA CCACAGGCTG GCCTCATTGT GCGCCAGGCT GTGCCAAGTT CCCAACCAAG 660
TGTTGTGGGT GCGGGTGAGC CAATGGATTG GGGTGAGCTG GTGGGAATGA CCCAGAGAT 720
TATTCAGAAG CTTCAAGACA AAGCCACTGT GCTAACACG GAGCGCAAGA AGAGAGGGAA 780
GACTGTGCCT GAGGAGCTGG TGAAGCCAGA AGAGCTCAGC AAATACCGGC AGGTGGCATC 840
35 CCACGTGGGG TTGCACAGTG CCAGCATTCG TGGGATCCTG GCCCTGGACC TCTGCCGTC 900
CGACACCAAC AAGATCCTCA CTGGTGGGGC GGATAAAAAT GTCGTGTGTG TTGACAAAAG 960
TTCTGAACAA ATCCTGGCTA CCCTCAAAGG CCATACCAAG AAGGTCACCA GCGTGGTGT 1020
TCACCCCTCC CAGGACCTGG TGTCTTCTG TTCCCGGAT GCCACTATCA GGATTGGTCT 1080
GGTCCCAAT GCCTCTTGTG TACAGGTGCT TCGGGCCCAT GAGAGTGCTG TGACAGGCT 1140
40 CAGCCTTCAT GCCACTGGCG ACTATCTCCT GAGCTCCTCC GATGATCAGT ACTGGGCTTT 1200
CTCTGACATC CAGACAGGGC GTGTGCTCAC CAAGGTGACA GATGAGACCT CCGGCTGCTC 1260
TCTCACCTGT GCACAGTTCC ACCCTGACGG ACTCATCTTT GGAACAGGAA CCATGGACTC 1320
TCAGATCAAG ATCTGGGACT TGAAGGAACG TACTAATGTG GCCAACTTCC CTGGCCACTC 1380
GGGCCCCATC ACTAGCATCG CTTTCTCTGA GAATGGTTAC TACCTGGCTA CAGCGGCTGA 1440
45 TGACTCCTCT GTCAAGCTCT GGGATCTGCG CAAGTTAAGA ACTTTAAGAC TTTGCAGCTG 1500
GATAACAAC TTAGGTAAA GTCAGTATC TTTGACCAGA GTGGTACCTA CCTGGCTCTT 1560
GGGGGCACGG ATGTCCAGAT CTACATCTGC AAACAATGGA CGGAGATTCT TCACTTTACA 1620
GAGCATAGCG GCCTGACCAC AGGGGTGGCC TTCGGGCATC ACGCCAAGTT CATCGCTTCA 1680
ACAGGCATGG ACAGAAGCCT CAAGTTCTAC AGCCTGTAGG CCCTGGCCCT TCTGATGGAA 1740
50 GCTGGGCTC ATCTCAGTAG AGGGGTAGAA TTAGGGTTTG GGGGGGGTG GGGGAATCT 1800
ATGGGGGGAG GGGGCTCTGT GGGGTGGGAC ATTACATCA TTTCACTCTG GTCTGAGTGG 1860
TGGCCTGAGA ACCATGGTGG CATGGACCAC CCTCATCCAT GCAACTCCAG GCCCATGGG 1920
AACGGATGTG GAAGGAAGAA CTGTACCCT CTTAAGGCCC AGGGTCGGAG CCCAGGGCCT 1980
CTCCCTTCTT GTCGTTCAAT GGACGTGTG GTGGCTGTTC CACACCCATT TTGTGCACT 2040
55 TCCTGTGAGA CAGGAGAGGC TGAGCCAAGG GAACTGTGAA GGGGATGGGC AGGAGGGCTT 2100
GTGCAGGGTT TTGTAAGCAG TGATCTAGTT TCATTAACAA AAGAAAACAA TAACCATAAC 2160
CACCTCCCGG TGTCTGTCTG CACCAGGAGC ACCTGGGACT GGAAGTCAA GGGGAGGGAG 2220
CACACACTGG GACACTGGCT TCCGGGAAGC CCATCTTCCT TTCCTTTCAC AGCTCTTA 2278

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 617:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 931 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

20

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 617

25

CAGGGGCGTG CAGCCCGCTT GCCAATCAGA GCGCGGCTGA GCGGCCCCGC AGCCAACCCC 60  
CGAGGAGCGG CCGGCTGGCG TCCGCCGCGC CCAGGAGTTG GGGATGTCCT ACAAACCCAT120  
CGCCCCCTGCT CCCAGCAGCA CCCCTGGCTC CAGCACCCCT GGGCCGGGCA CCCCAGTCCC180  
TACAGGAAGC GTCCCGTCGC CGTCGGGCTC AGTGCCAGGA GCCGGCGCTC CTTTCAGACC240  
30 GCTGTTTAAAC GACTTTGGAC CGCCTTCCAT GGGCTACGTG CAGGCGATGA AGCCACCCGG300  
CGCCCAGGGC TCCCAGAGCA CCTACACGGA CTGCTGTCA GTCATAGAGG AGATGGGCAA360  
AGAGATCCGG CCTACCTATG CTGGCAGCAA GAGCGCCATG GAGCGCCTGA AGAGAGGTAT420  
CATCCATGCC CGGGCCCTAG TCAGAGAGTG CCTGGCAGAG ACAGAGCCGA ACGCCCGCAC480  
GTAACAGGAA GCGCCTCGGC CTCAGCGTCT GGACCTATCC GGCCACTGCA GAGCACCCGC540  
35 TTCTCCCTGG CCTTCATCCC GAGTTGCACT AACCATCCTG GGCTTCCTGT CCTGTGTCCC600  
TTGGTGGGTC CCCTCCAGGA ACCAAGGAGT GGCCCTCCAG GTGGCAGCAC TAAGGACACC660  
CCCCACAAC AAGAGTTAGC AGCGAGGTCC CCATGAGTCC CACCCATGAC CTGCCGACAG720  
TGTTGCCCCAC CGGAACCTTT GTGGCCCCCTA CCGCTCAGCC CTTCCCAGCA CTTCTCCCAC780  
TTTGTCCCGA GCCTCCTTCT CGCCCAGCAG GGGCACAGGC CTGGCACCTC CCTGCCTTGT840  
40 GTCCTGAGCC ATAGTGAATC TTTTATCTGT GTGTCTTTTG CTAAATATGC CCTTTTATA900  
TTAATAAAAG ATGATTTGGA GTTGTGCTCT C 931

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 618

- 45 (A) LÄNGE: 447 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 618:

ELPSSPPPGGL PEVAPDATST GLPDTFAAPE TSTNYPVECT EGSAGPQSLP LPILEPVKNP 60  
CSVKQDTPLQ LSVEDTTSPN TKPCPPTPTT PETWGGGGGG APSSTPCSAH LTPSSLFSS120  
LESSSEQKFY NFVILHARAD EHIALRVREK LEALGVPDGA TFCEDFQVPG RGELSCLQDA180  
10 IDHSAFIILL LTSNFDCLRS LHQVNQAMMS NLTRQGSPDC VIPFLPLESS PAQLSSDTAS240  
LLSGLVRLDE HSQIFARKVA NTFKPHRLQA RKAMWRKEQD TRALREQSQH LDGERMQAAA300  
LNAAYSAYLQ SYLSYQAQME QLQVAFGSHM SFGTGAPYGV RMPFGGQGPL GAPPPFPTWP360  
GCPQPPPLHA WQAGTPPPPS PQPAAFPQSL PFPQSPAFPT ASPAPPQSPG LQPLIIHHAQ420  
15 MVQLGLNNHM WNQRGSQAPE DKTQEAE 447

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 619

(A) LÄNGE: 205 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 619:

ADAGGGTERS LLSLPPELLV LPGTDGAAPG GFWEPHVIWD WGALWGQNAL WGPAGPGSPA 60  
TLSHLAGVPA AATPARMAGW HPPTALPTAS SLSTVTALPA VPSLPYGLTR TPSEPRAATP120  
35 HYPPRTDGTA GAEQPHVEPE RVPGARGQDA GGRMTACPCL TTWGTPLDPG IGQDPFIEHPG180  
LPCALWTVED EVICHFQDIV REPFI 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 620

(A) LÄNGE: 409 Aminosäuren

40 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 620:

5 KSRLSVTLMP VQLSEHPEWN ESMHSLRISV GGLPVLASMT KAADPRFRPR WKVILTFEFG 60  
AAILWLLCSH RPAPGRPPTH NAHNWRLGQA PANWYNDTYP LSPPQRTFAG IRYRIAVIAD120  
LDTEPTAQDE NTWRSDLKKG YLTLSDSGDK VAVEWDKDHG VLESHLAEG RGMELSDLIV180  
FNGKLYSVDD RTGVVYQIEG SKAVPWVILS DGDGTVEKGF KAEWLAVKDE RLYVGGLGKE240  
WTTTTGDVFN ENPEWVKVVG YKGSVDHENW VSNYNALRAA AGIQPPANLI HESACWSDTL300  
QRWFFLPRA SQERYSEKDD ERKGANLLS ASPDFGDIIV SHVGAVVPTH GFSSFKFIPN360  
10 TDDQIIIVALK SEEDSGRVS YIMAFITDGR FLLPETKIGS VKYEGIEFI 409

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 621

(A) LÄNGE: 249 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 621:

30 KLSPDGLAQC FRFELNELDA FVFHASDLGL RQGEAPVQRE GHDVGGDSAA VLLGFEGHND 60  
LVVVGDELE GREAVSGDHR PDVAHSDVAE VRGGAQQQVG ALALVVLAV ALLAGAAARQE120  
EPALQRVTPA GRMLDEVSWR LDAGSSPQGV VVGHPVLVH AALVAHHLHP LRVLVHHITR180  
SGRPLLAQAA HVQTLVLHCQ PFGLEAFLHG AVAVGQNHG HGFAAFDLVD DPRPVIHGVE240  
FPIENNQVG 249

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 622

35 (A) LÄNGE: 255 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 622:

50

AAAPVSLHDA AGDLRRDPGG GGGGVPHGG GEGQEVVPAE PGVPAPQHA E PVAAAGAAQQ 60  
LQTEEQPGLQ RLRLGPVRGA ARGGDARVRG PRGDRRVNPE SARALLPGDP QGPGTAAPRA120  
LGLPPRCEPV GAPLAALALA RERRERGRFP RPCKCLFFNS SQCELCCECV RGGAPALSRR180

RVATPCPCPM VCNSDFAHRS TVPPSAHPFT LTPTLSLNTF IIVRRGRWDF GRSAAATASG240  
GLIFIFALRW LKAFI 255

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 623

- 5 (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 623:

20 INAFSHRNAK ININPPDAVA AALRPKSQRP RLTIKVFSE SVGVSVNGCA LGGTVERCAK 60  
SELQTIGQGH GVATRRRLSA GAPPRTHSQQ SSHWHEELKNK HLQGRGKRPR SRRSRARASA120  
ARGAPTGSQR GGSPSARGAA VPGPCGSPGS RARALSGFTR RSPRGPRTRA SPPRAAPLTG180  
25 PSRSRWSFGC SSVCS 196

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 624

- (A) LÄNGE: 242 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 624:

45 VESHRAHHTH TTVRSPETAR GWKPWPRLS RYVHSPGRQP HGHGQHLFCF SGRRAFGGHP 60  
RQGARASLLA LGLENSPGGS SPEERLGRLA VAGPPRGAQN VSQAGPEAEA PPLRFGHAWG120  
AQTPRLGAPG PWTPLPTLPS HIPPFWSQTP AQRKEGFTEE GQGRAWPQGG DEDISGPGSC180  
RLLWEEEPVCV CKLLGLAARP TAGPSLDPCT WPSSCPLAAP GLGTGIEPRG LGWLGGQGRDR240  
EG 242

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 625

- 50 (A) LÄNGE: 216 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein



- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 625:

15 GLVMPGELRR PGLGPQAHGL PSPLCPPIFP LFGPRHQHKE RRGSRKARA EPGPREGMRT 60  
FPVQVAAGCS GRKSHASVNC WGWPRAPLQG PALTPARGHP AALWLPLALA QASSLEGWAG120  
WARAGTGRGS TSDPDVGWLC PPRREAQOTS YTKAKSTIGE PRSHFMGRRP RPQGPQSKAR180  
GRFIPEDSFP GAAPAWGGVS RPLGCLSVCG TPWSTP 216

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 626

(A) LÄNGE: 299 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 626:

PGISVSVDKM ESSPFNRRQW TSLSLRVTA ELVLNKNKS SAIVEIFSKY QKAAEETNME 60  
KKRSNTENLS QHFRKGTTLV LKKKWENPGL GAESHTDSL NSSTEIRHRA DHPPAEVTSH120  
AASGAKADQE EQIHPRSLR SPPEALVQGR YPHIKDGEDL KDHSTESKKM ENCLGESRHE180  
40 VEKSEISENT DASGKIEKYN VPLNRLKMMF EKGEPTQTKI LRAQSRASG RKISENSYSL240  
DDLEIGPGQL SSSTFDSEKN ESRRLLELPR LSETSIKDRM AKYQAAVSKQ SSSPTIPMS 299

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 627

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 627:

DSAPSPGFSSH FFFNTVRVPF LKCWERFSVL LLFFSMFVSS AAFWYLENIS TIADDLFLLT60  
RESSLAATLN DSEVHCRLLN GDDSLSTDT EIPG 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 628

(A) LÄNGE: 765 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 628:

IRPVVQLTAI EILAWGLRNM KNFQMASITS PSLVVECGGE RVESVVIKNL KKTPNFPSSV 60  
LFMKVFLPKE ELYMPPLVIK VIDHRQFGRK PVVGQCTIER LDRFRCDPYA GKEDIVPQLK120  
ASLLSAPPCR DIVIEMEDTK PLLASKLTEK EEEIVDWWSK FDASSGEHEK CGQYIQKGYS180  
KLKIYNCELE NVAEFEGGLTD FSDTFKLYRG KSDENEDPSV VGEFKGSFRI YPLPDDPSVP240  
APPROQFREL PDSVPQECTVR IYIVRGLELQ PQDNNGLCDP YIKITLGKKV IEDRDHYIPN300  
TLNPVFGRMY ELSCYLPQEK DLKISVYDYD TFTRDEKVG E TIIDLENRFL SRFGSHCGIP360  
EEYCVSGVNT WRDQLRPTQL LQNVARFKGF PQPILSEDGS RIRYGGRDYS LDEFANKIL420  
HQHLGAPEER LALHILRTQG LVPEHVETRT LHSTFQPNIS QGKLQMWVDV FPKSLGPPGP480  
PFNITPRKAK KYILRVIIWN TKDVILDEKS ITGEEMSDIY VKGWIPGNEE NKQKTDVHYR540  
SLDGEENFNW RFVFPFDYLP AEQLCIVAKK EHFWSIDQTE FRIPPRLIQ IWDNDKFSLD600  
DYLGFLELDL RHTIIPAKSP EKCRDLMIPD LKAMNPLKAK TASLFEQKSM KGWWPCYAEK660  
DGAARMAGKV EMTLEILNEK EADERPAGKG RDEPNMNPKL DLPNRPETSF LWFTNPCKTM720  
KFIVWRRFKW VIIGLLFLLI LLLFVAVLLY SLPNYLSMKI VKPNV 765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 629

(A) LÄNGE: 289 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 629:

5 ETQVVIQRKL VIVPYLNDQP GWDSKFRLVN TPEMLFFRND TELFGWKVVK RENKSPVKIP 60  
FTIQRSVMDI CFLFVFFIAR NPAFDVDVTH FLSCDAFLVQ DNVLGVPDDH TQVVFLGFPG120  
CDVERRAWWP QTLGENIHPH LKFSLGNVGL EGAVQSPCFH VLRDQPLSPE DVKSKPLFRG180  
10 FEVLVQDFVG FKFIQAVVSS SISDSTPIFG KDGLWEAFES GDILKQLCWS QLISPGIDSR240  
NTVLLWYAAV GPKAGKESVF QINNCFSYFF IPGKGVIIID RNFQVFFLR 289

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 630

(A) LÄNGE: 824 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 630:

30 RVSVLAAASS ALPVAPREAG VTNWPAGCVP EVRSTGEKEV AKTLHRRSRP EWCGARDPPA 60  
MLLFVLTCLL AVFPAISTKS PIFGPEEVNS VEGNSVSITC YYPPTSVMNRH TRKYWCRQGA120  
RGGCITLISS EGYVSSKYAG RANLTNFPEN GTFVVNIAQL SQDDSGRYKC GLGINSRGLS180  
FDVSLEVSQG PGLLNDTKVY TVDLGRTVTI NCPFKTENAQ KRKSLYKQIG LYPVLVIDSS240  
GYVNPNTYGR IRLDIQGTGQ RLFSVVINQL RLSDAGQYLC QAGDDSNSNK KNADLQVLKP300  
EPELVYEDLR GSVTFHCALG PEVANVAKFL CRQSSGENCD VVVNTLGKRA PAFEGRILLN360  
35 PQDKDGSFSV VITGLRKEDA GRYLCGAHSD GQLQEGSPIQ AWQLFVNEES TIPRSPTVVK420  
GVAGGSAVAVL CPYNRKESKS IKYWCLWEGA QNGRCPLLVD SEGWVKAQYE GRLSLLEEPG480  
NGTFTVILNQ LTRSDAGFYW CLTNGDTLWR TTVEIKIEG EPNLKVPGNV TAVLGETLKV540  
PCHFPCFKSS YEKYWCKWNN TGCQALPSQD EGPSKAFVNC DENSRLVSLT LNLVTRADEG600  
WYWCQVKQGH FYGETAAVYV AVEERKAAGS RDVSLAKADA APDEKVLD SG FREIENKAIQ660  
40 DPRLFAEKA VADTRDQADG SRASVDSGSS EEQGGSSRAL VSTLVPLGLV LAVGAVAVGV720  
ARARHRKNVD RVSIRSRYTD ISMSDFENS EFGANDNMG SSITQETSLG GKEEFVATTE780  
STTETKEPKK AKRSSKEEAE MAYKDFLLQS STVAAEAQDG PQEA 824

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 631

45 (A) LÄNGE: 267 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 631:

ADIAGPRCLP LFNCHIDGCS LSIEVALLHS TPVPALISPG HQVQGQGDGP AVLVTVHEGL 60  
AGAFVLAGQG LAARVIPLAP VFLVRGEFAW KVTGDLESLS QHSRDIPWYL EVWFSFDNLD120  
10 LHGGPPESIA VGQTPVEAGV PAGELVEDDS EGAVAWLLQQ GEALVLGLN PPLAVHQQGA180  
AAILGPPFET PVLDAFAFLT VVGAEHGHRA SCHPLHHSQA AGNRGLLIDE ELPGLDRRAF240  
LQLTIRMGST QVAPCILLPQ ACDHHTTE 267

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 632

15 (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 632:

30

GETRVHSQQG GGIKAPSWDW FFREPGPLVK GLLGHVKQYL EQPRPWGYQV ERREGRRRLPC 60  
THLPWWAGFS LLGSTLPSPV HDTDPRASPC PRPSYRLLFQ DITDNPERME KGGAWVPAVS120  
GQKEVACGNL RSPHPRFPKR 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 633

35

(A) LÄNGE: 127 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 633:

VFPCHLVGAG PTPATTSGTA KGSTRCDYPG PCWQLRIPGT CSDPVSGSSE SQEPRMRALC 60

SPSSKTQGSF PRKGAHVPQR GWLPGCYLFY PTSAAESQGE TASHPKPLGF SREKNLSQKH120  
DLFSGCK 127

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 634

- 5 (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 634:

20

HHQKHMQGKG SYWASGLLSP WLGRKGREDG WGSLEFGIDDV HEFGLEGSTT HKEAIHIRLA 60  
GQLLAGCPSH RASINDTGAL SHRIRDVGLQ PSSELLVYFL GLLGCCSLAS TNGPHRLIGQ120  
DDLAPVLHVI CDDLLVWWEQ 140

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 635

25

- (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 635:

KVIADNVKDW SKVVLAYEPV WAIGTGKTAT PQQAQEVHEK LRGWLKSNVS DAVAQSTRII 60  
YGGSVTGATC KELASQPDVD GFLVGGASLK PEFVDIINAK Q 101

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 636

45

- (A) LÄNGE: 329 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 636:

15

DSIFPLWAVL ALSPPGIRVR MKKSSVSGMT AAGWVWGEA EGKAALRLGV EFLEVWGGGR 60  
VFNLEKSQPA RAERECERGS SEGARNGVGG SGGRSVAVAL VHQHGVRLLG DLQQRVHVGA120  
APAPQVAGLP PLRAALVVVG AHLHHLGGLE HFHLALADLL DVEGEGWHLV DRGLGARVHH180  
VVGREGFAQL VPRRLQFLAP LGGHQARAQL VHALLQGVPR LLQVFLGLEA RLLQVLGTH240  
LGLLHLLGE GLLEVHAPQ ALRLIRSARD SSITSSTSTA SDESSSAAA SSSGRSPSPS300  
SSPSFSGSAS DSFSDLLMLS LAGSFTSSW 329

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 637

20

(A) LÄNGE: 362 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 637:

35

GRLPGYPD RR GPGASSAGAQ AAEEPSGAGS EELIKSDQVN GVLVLSLLDK IIGAVDQIQL 60  
TQAQLEERQA EMEGAVQSIQ GELSKLGKAH ATTSNTVSKL LEKVRKVS VN VKTVRGS LER120  
QAGQIKKLEV NEAELLRRRN FKVMYQDEV KLPKLSISK SLKESEALPE KEGEELGE180  
RPEEDAAALE LSSDEAVEVE EVIEESRAER IKRRACGAWT TSRRPSPRRR WRRPRCVPAR240  
40 TWRRRASRPR KTWRRRGTPW RSA 263

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 638

45

(A) LÄNGE: 205 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 638:

SGDLRLLVDT SKVQEAHVPS QDTHHTQELL AVQGSLSVSGY RPPGGFGAAP VHEDPHLLGP 60  
ASRGAPETAA FFFFFFFF EQHLRVGLLL LPPRLSPRPG PAWPVPNPVG WPGHLHQGGQ 120  
LLAGTNKPFH LAMVVVFSMD RGPETRAGR REHTSLGVGT SLXTPQQLXG PRXXFPXAVQ 180  
10 ASPXPGVCSL AWVELCHIXD KQXGG 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 639

(A) LÄNGE: 171 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
15 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 639:

PVTPRDXPGA GGSXEGPMQ HPGSRPXPL AXPAPXWLM APCGALTCWA RLXLGLSAPX 60  
30 LLIXDVTELD PSQAAHSWTW ASLHCXGKXX PRAXKLLRGX EAGAHPQASV FSAPPCPRFR120  
ASVHREHHH GQVEGFISPC QQLSSLVQVA WPAHWIGDGP GWARSGAQSG R 171

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 640

(A) LÄNGE: 161 Aminosäuren  
35 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 640:

50 ISRNEGVLR GPKSPRSLR SHSEPPALVL WRDHLVPGT DYCKDTALVP TEKNTGQGEH 60  
TFSQYLATPH SELTITHGKW VHSSLWSDPA GLGRQEQHSS SSLSPRQRES LNCKRSGAYT120  
VREKEKGGRK GFSPRPPRDA HREGGKEREK SVLESEATLS K 161

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 641

- 5 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 641:

20 CAYRTEKWKS HTVPCSPEVK LVLTLALRAF SSMEPLGLGR KARVSAHRHT SYLQDIDCLC 60  
RGSTGQPTAN TAASLVASL LPVHPGDYSW INLPKNSAFI MSLFCSKTQN GSLPPRGRPS120  
HHCIPNR 127

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 642

- 25 (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 642:

40 WGXGRVRVXG WXRKPMKXGI PPEXHGPITA DGHRLXLLP PXGXRCXXAD PKGXGLXALF 60  
XKXPPXEXCL LSXXPXXPVT HRAGMEFNGX FWXXTLVHGQ TSLXGYXTR LKXKIVCCHS120  
SGXWSVCG LH RFHRNQ 136

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 643

- 45 (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF



(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 643:

GRXSRAWGLG CPSLLSPISL RLPVPPPRPP NLRPPATPGA PTXPXQNTAX LKXLELSXX 60  
LSGLGLMGXR AGTCTWVAXE AHEDXDTPRV PWTXYXRWSS XPXAIATXGX SLXXGRPQRE120  
XPXRVVXKXT TX 132

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 644

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 644:

GVETTANSST SLRSTLEKE VPVIFIHPLN TGLFRIKIQG ATGKFNMVIP LVDGMIVSRR 60  
ALGFLVRQTV INICRRKRLE SDSYSPMSA GNRKSPTLST STGTSSWSQS FILHFSRRLD120  
SRTAVLRPLN F 131

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 645

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 645:

LTNMSDHLFG WLLLEMAVVM FSGLCQPTDP CQVLEILLLP RCYFSAGIKL LXVARPRTSK60  
DSCYSATVYT AHLSSYSHVLS SLVRLF 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 646

5

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 646:

KAPNPSVLHT VRMQLIADRC CELYICKRCF TTSAGFITAS WSRVAILPAI PAKQTPENYP60  
LRSGVLRKFL EPKIRRNPGI SFLRSKMYQ LRPGEH 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 647

25

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 647:

SSACRCTTRS TGQQAASGR CGGPRGWGPS TGATPRQLTM NIPFQSIHFI TYEFLQEQVN60  
PHRTYNPQSH IISGGLAGAL AAAARGPLDV LR 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 648

45

- (A) LÄNGE: 280 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 648:

AVGSAALFKD GGGTSAAEA GAAGQRLRSV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSR 60  
LELSVLYKEY AEDDNIYQQK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSHL EALLDDSKEL120  
QRFKAVSAKS KEDLVSQGFT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL180  
15 VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIHII ALAQALSVS1240  
QVEYMDRGEG GTTNPHIFPE GSEPKVYLLY RPGHYDILYK 280

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 649

20

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 649:

35 DHLQPQKNLC TCLAPGRGGQ QGSSGLEPAL FVEDIVVSRP VEKVDLGLGA LREDVRIGGA 60  
ALAAVHVHLH DGHAEGLGQR NDVDVVALLA HGLHLLLAEL LDSPSTLDEV LEELALALQV120  
ARGEQPQVDH KVVGGALVIE GGQQVGDRL LLHLLNQVHE RVVEILNCEF SEALGHQVFL180  
ALGRHSLEPL QLLAVIQCL QVGESESPIE TVAVRPGLAD VRVLFVEVLD LLLIDVVIFS240  
40 ILLV 244

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 650

(A) LÄNGE: 424 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 650:

5

LTTTCVSSSA PSKTS LIMNP HASTNGQLSV HTPKRESLSH EEHPHSHPLY GHGVCKWPGC 60  
 EAVCEDFQSF LKHLNSEHAL DDRSTAQCRV QMQVVQLEL QLAKDKERLQ AMMTHLHVKS120  
 TEPKAAPQPL NLVSSVTLSK SASEASPQL PHTPTTPTAP LTPVTQGPSV ITTSMHTVG180  
 PIRRRYSKY NVPISADIA QNQEFYKNAE VRPPFTYASL IRQAILESPE KQLTLNEIYN240  
 10 WETRMFAYFR RNAATWKNV RHNLSLHKCF VRVENVKGAV WTVDEVEFQK RRPQKISGNP300  
 SLIKNMQSSH AYCTPLNAAL QASMAENSIP LYTTASMGNP TLGNLASAIR EELNGAMEHT360  
 NSNESDSSPG RSPMQAVHPV HVKEEPLDPE EAEGPLSLVT TANHSPDFDH DRDYEDFVN420  
 EDME 424

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 651

15

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

30

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 651:

STNAGCTAVR ATACKRQRAP ASHDDPPACE VYRTQSRPSA LESGIKCHSL QVRIGGFSTE 60  
 LTSYSNDPNR PPDSRHPRPL CHHNHQHAHG GTHPQAVLRQ IQRAHFVSRY CAEPRIL 117

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 652

35

- (A) LÄNGE: 426 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 652:

PEAGLFSCSE QSDFFPEHIFI MIHTNLKKKF SCCVLVFLLF AVICVWKEKK KGSYYDSFKL 60

QTKFEQVLKS LGKLAGSDS QSVSSSTQD PHRGRQTLGS LRGLAKAKPE ASFQVWNKDS120  
 SSKNLIPRLQ KIWKNYLSMN KYKVSYKGGP GGIKFSAEAL RCHLRDHVNV SMVEVTDFPF180  
 NTSEWEGYLP KESIRTKAGP WGRCAVVSSA GSKSSQLGR EIDDHDAVLR FNGAPTANFQ240  
 QDVGTKTIR LMNSQLVTE KRFLKDSLYN EGILIVWDPS VYHSDIPKWY QNPDYNFFNN300  
 5 YKTYRKLHPN QPFYILKPQ PWELWDILO ISPEEIQPNP PSSGMLGIII MMTLCDQVDI360  
 YESLPSKRKT DVCYYYQKFF DSACTMGAYH PLYEKNLVK HLNQGTDEDI YLLGKATLPG420  
 FRTIHC 426

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 653

10 (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 653:

25 RCVQGSFVL SRKTSLLAN PPGAAGPSGP QELALLSMGG KVVWVCRPRP IFLRMKTHL 60  
 CWFMTCAAG FGDAEVCRSI SGGLDAVLPF SLWCWLCGLC GTFCPLARCT LGRGGCGCSA120  
 RSVAAARSAP TPVGIGSLC 139

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 654

30 (A) LÄNGE: 243 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 654:

50 WRQLARGWGA LSRASCPALP RLANNTVRMA KGDPKKPKGK MSAYAFFVQT CREEHKKKNP 60  
 EVPVNFAEFS KKCSEWRKTM SGKEKSKFDE MAKADKVRD REMKDYGPAK GGKKKKDPNA120  
 PKRPPSGFFL FCSEFRPKIK STNPGISIGD VAKKLGEMWN NLNDSEKQPY ITKTAKLKEK180  
 YEKDVADYKS KGKFDGAKGP AKVARKKVEE EDEEDGGGGG GGGGGTYSRV GWWSSPKEGE240  
 RRN 243

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 655

(A) LÄNGE: 110 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 655:

TEQESRRWP FGSIRILLLL ASLSWSIILH FPIIAHFICL CHFIKERFLF PGHRLPPLRA 60  
LLGKFRKIDR DLWVFLLMFF SACLHKEGIS GHLALWFLGV TFSHPDCIVR 110

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 656

(A) LÄNGE: 356 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 656:

VGCSHAAQLH SAPELQTTRQ ELSHALYQHD AACRVIARLT KEVTAAREAL ATLKPQAGLI 60  
VPQAVPSSQP SVVGAGEPMD LGELVGMTPE IIQKLQDKAT VLTERKKRG KTVPEELVKP120  
EELSKYRQVA SHVGLHSASI PGILALDLCP SDTNKILTGG ADKNVVVFDK SSEQILATLK180  
GHTKKVTSVV FHPSQDLVFS ASPDATIRIW SVPNASCQVQ VRAHESAVTG LSLHATGDYL240  
LSSSDQYWA FSDIQTGRVL TKVTDETS GC SLTCAQFHPD GLIFGTGTMD SQIKIWDLKE300  
RTNVANFP GH SGPITSIAFS ENGYLATAA DDSSVKLWDL RKLRTLRLCS WITTLR 356

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 657

45

(A) LÄNGE: 240 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 657:

LAQIPELDRG VISRCSQVVT ILREGDASDG ARVAREVGHI STFLQVPDLD LRVHGSCSKD 60  
ESVRVELCTG ERAAGGLICH LGEHTPCLDV RESPVLIIGG AQEIVASGMK AEACHSTLMG120  
PNHLYTRGIG DRPNPDSGIG GSRKHQVLGR VKHHAGDLLG MAFEGSQDLF RTFVKHNDIF180  
15 IRPTSEDLVG VGRAEVQGQD PRNAGTVQPH VGCHLPVFAE LFWLHQLLRH SLPSLLALRG240

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 658

(A) LÄNGE: 162 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 658:

EHNSKSSFIN IKRAYLAKDT QIKESLWLRT QGREVPGLCP CWARRRLGTK WEKCWEGLSG 60  
RGHKSSGGQH CRQVMGGTHG DLAANSCCGG VSLVLPGGP LLGSWRGPTK GHRTGSPGWL120  
35 VQLGMKAREK RVLCSGRIGP DAEAEALPVT CGRSALSLPG TL 162

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 659

(A) LÄNGE: 148 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
40 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 659:

RLWTAFHGLR AGDEATRRPG LPEHLHGPAV SHRGDQORDP AYLCWQOERH GAPEERYHPC 60  
PGPSQRVFGR DRAERPHVTG SASASASGPI RPLQSTRFSL AFIP SCTNHP GLPVLCPLVG120  
5 PLQEPRSGPP GGSTKDTFPQ QELAARSP 148



**Patentansprüche**

- 5 1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No 1-88, 90-96, 98-120, 123-140, 142-144, 597-617.
- 10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
- 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
- 20 2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
- 25 3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No 1-157, 597-617, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Pankreastumorgewebe erhöht exprimiert sind.
- 30 4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 35 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 40 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 45 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
- 50 8. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.

9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
- 5 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 10 11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 15 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 20 13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 25 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 30 15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 35 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 40 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
- 45 18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
- 50 19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.

20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
- 5 21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 10 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659.
- 15 24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 20 25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenes Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23 binden kann.
- 25 26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Pankreastumor.
- 30 28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Pankreastumor verwendet werden können.
- 35 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 in sense oder antisense Form.
- 40 30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659 als Arzneimittel in der Genterapie zur Behandlung des Pankreastumors.
- 45 31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Pankreastumor.
- 50 32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 158-596, 618-659.

- 5 33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- 10 35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617.
- 15 36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33 zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
- 20 37. Verwendung gemäß Anspruch 36, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
- 25 38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

## Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

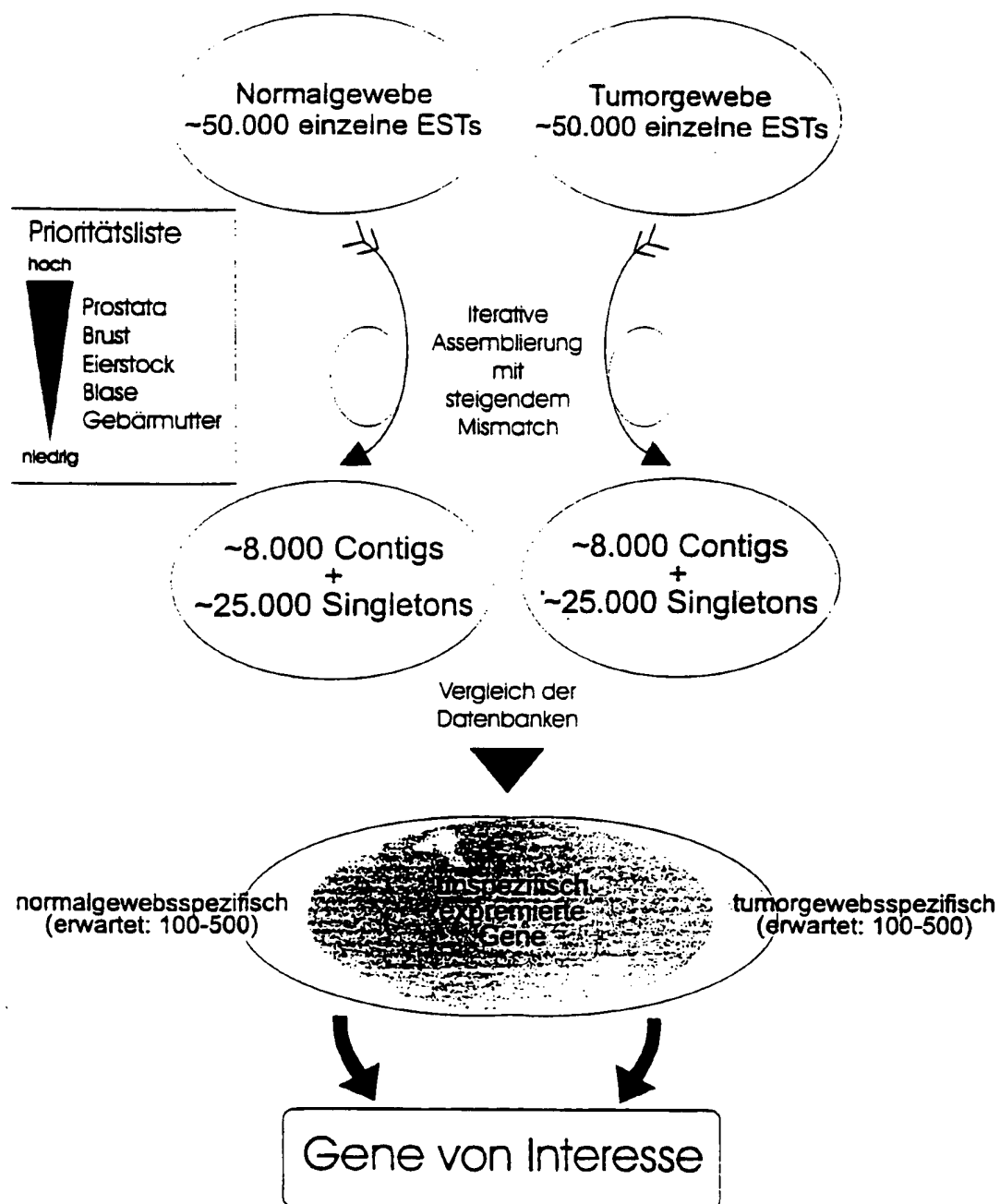


Fig. 1

## Prinzip der EST-Assemblierung

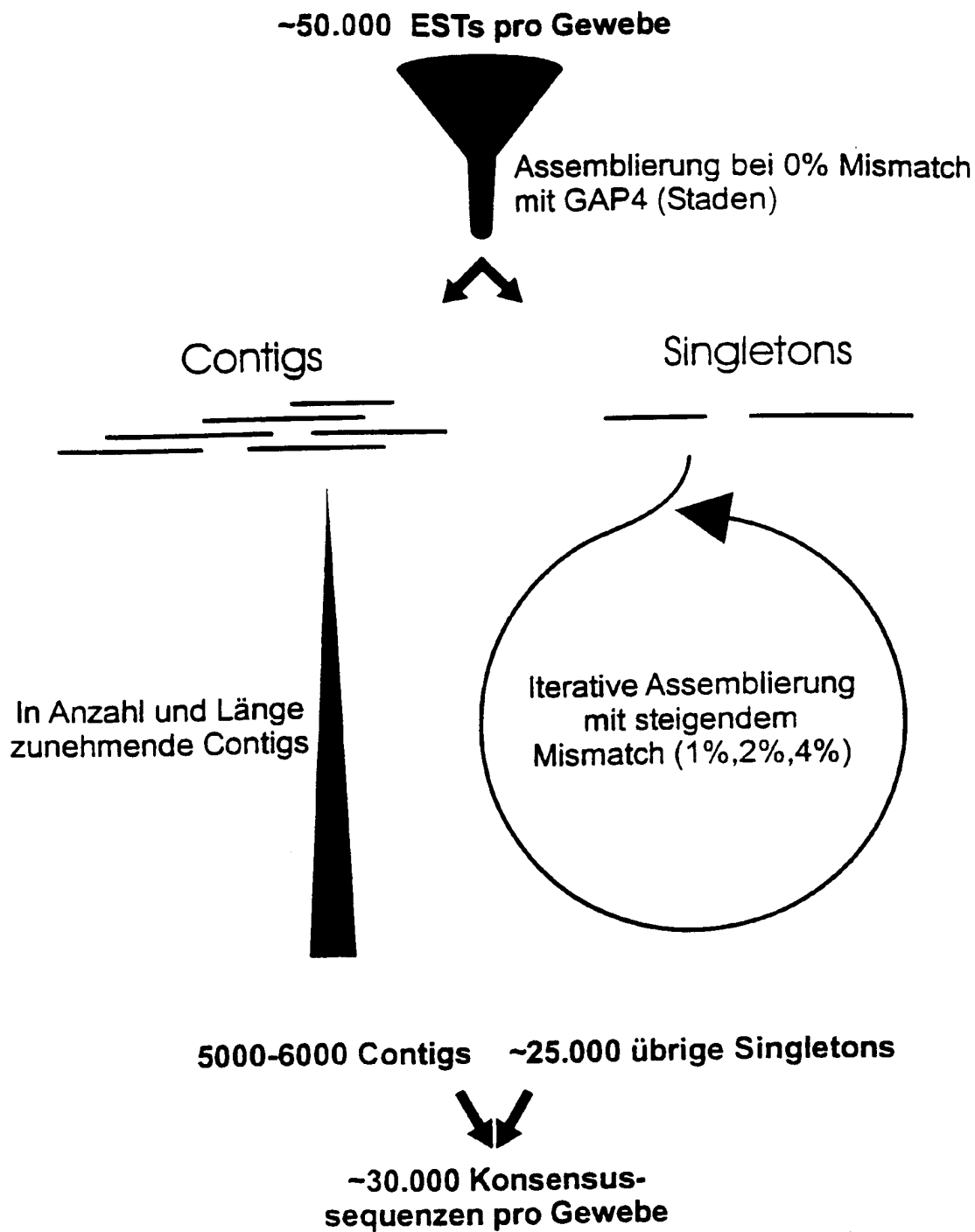


Fig. 2a

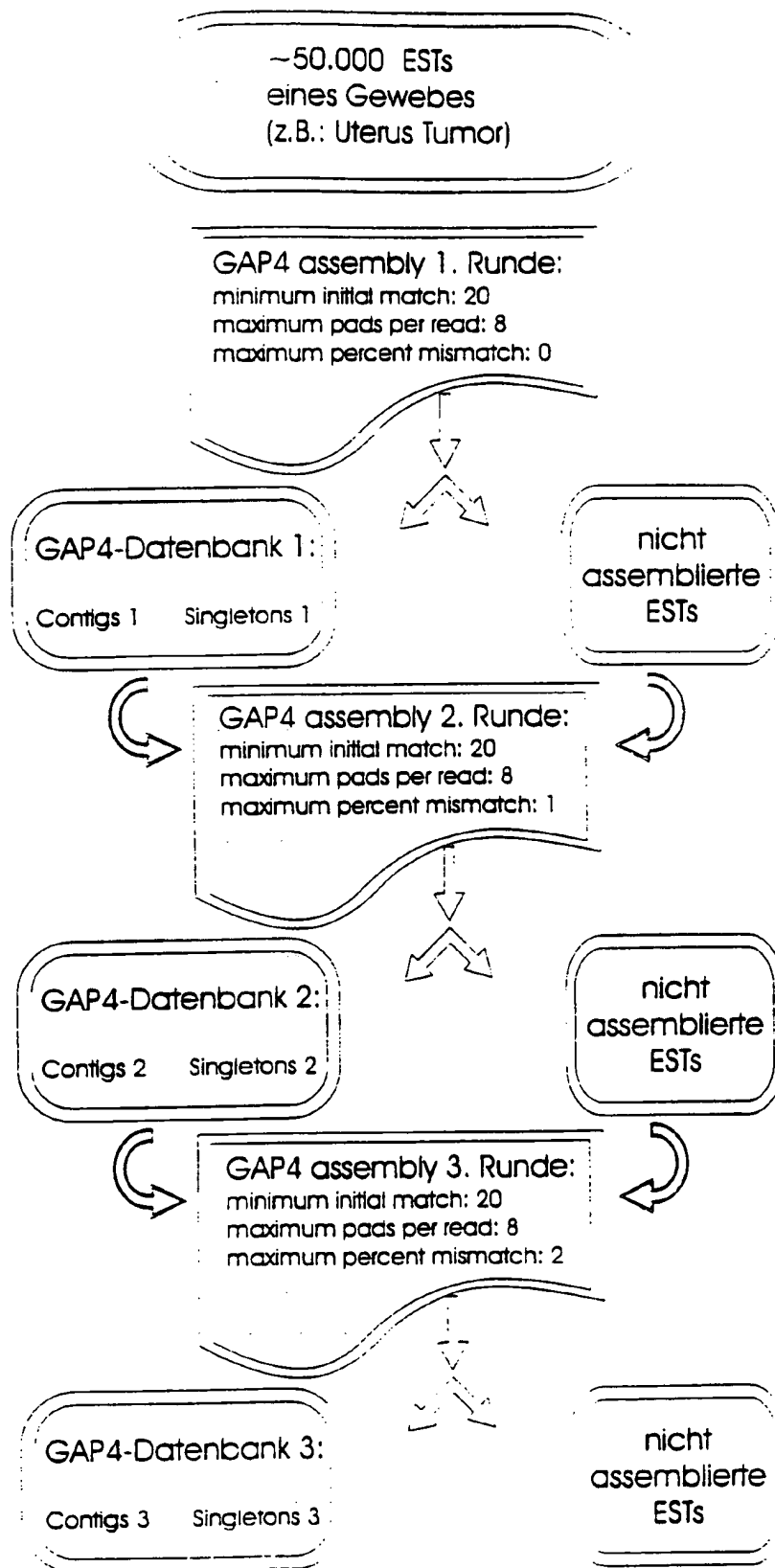


Fig. 2b1

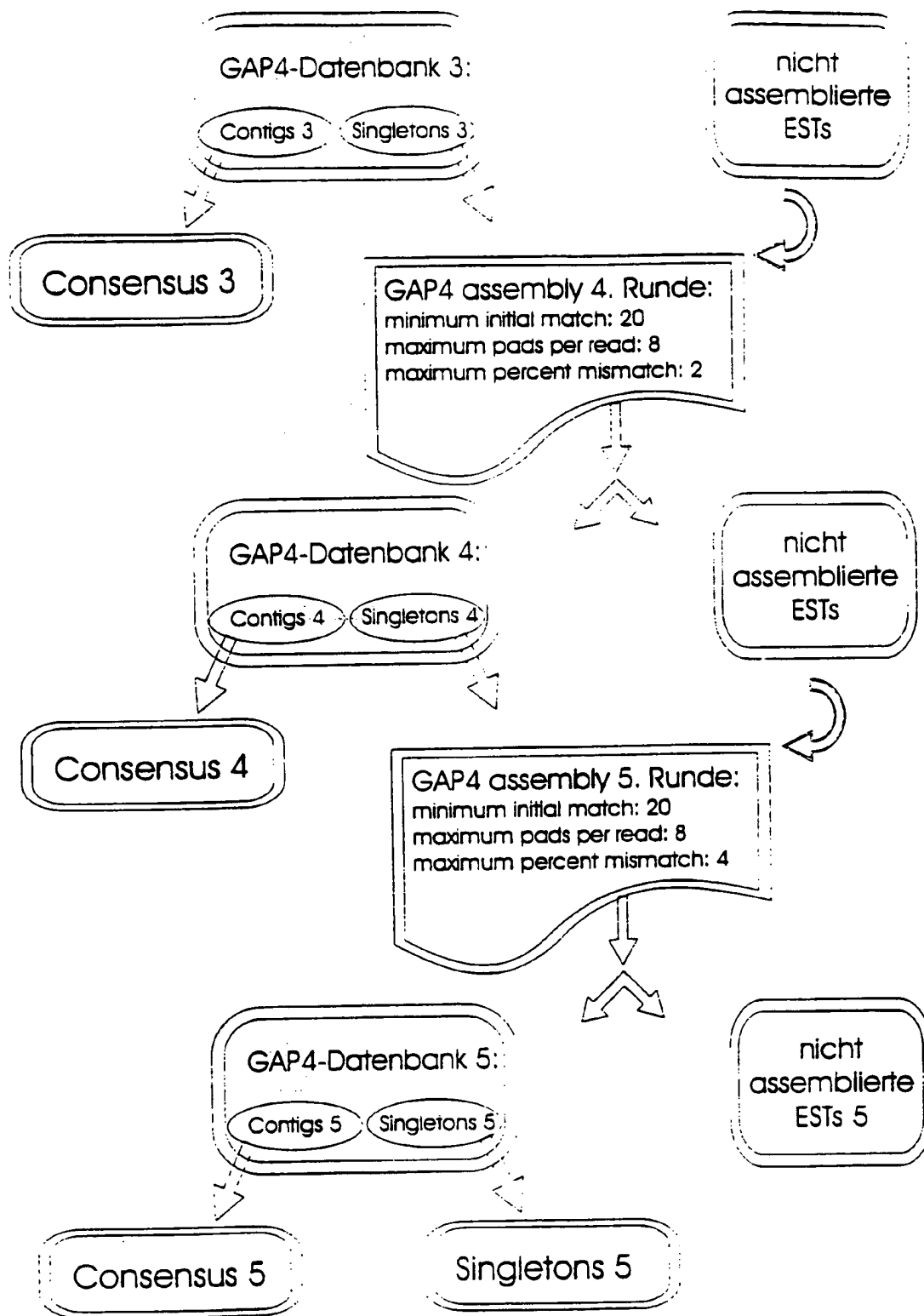


Fig. 2b2



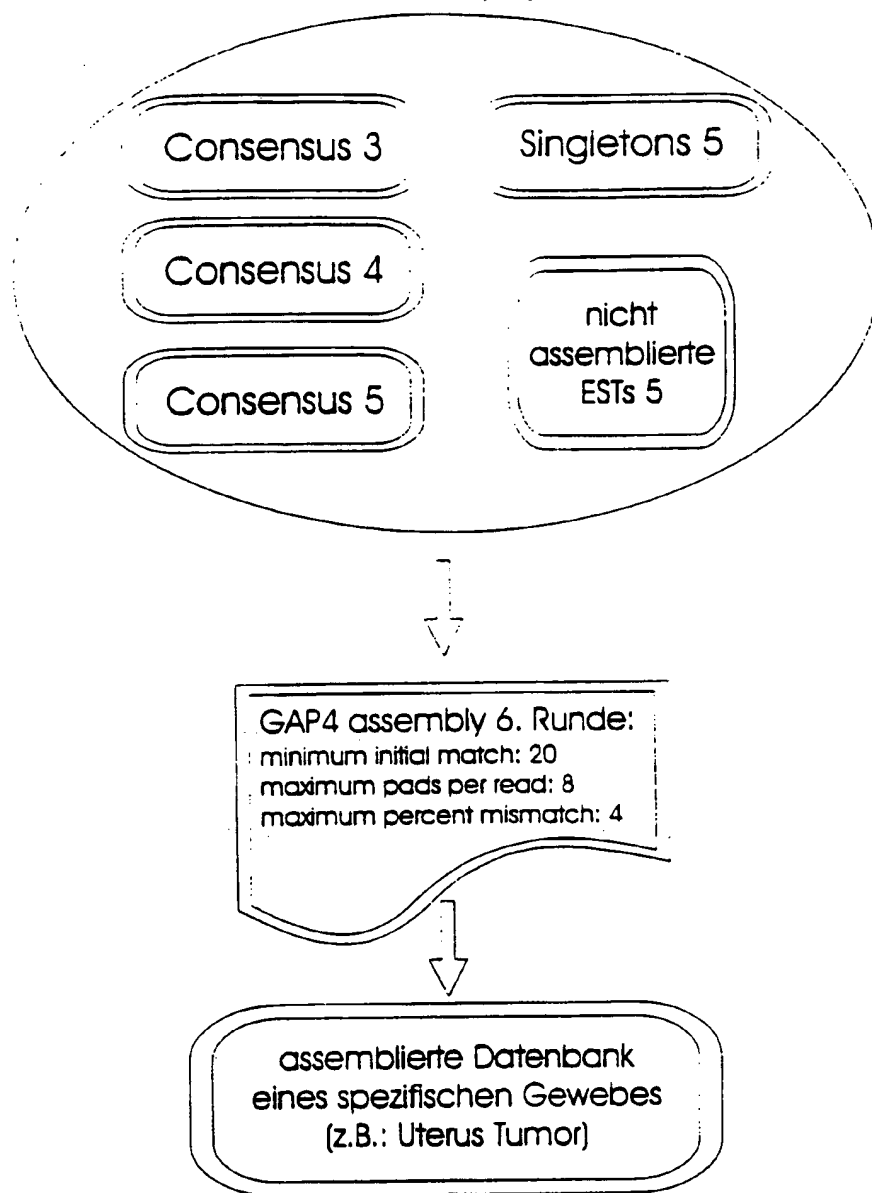


Fig. 2b3

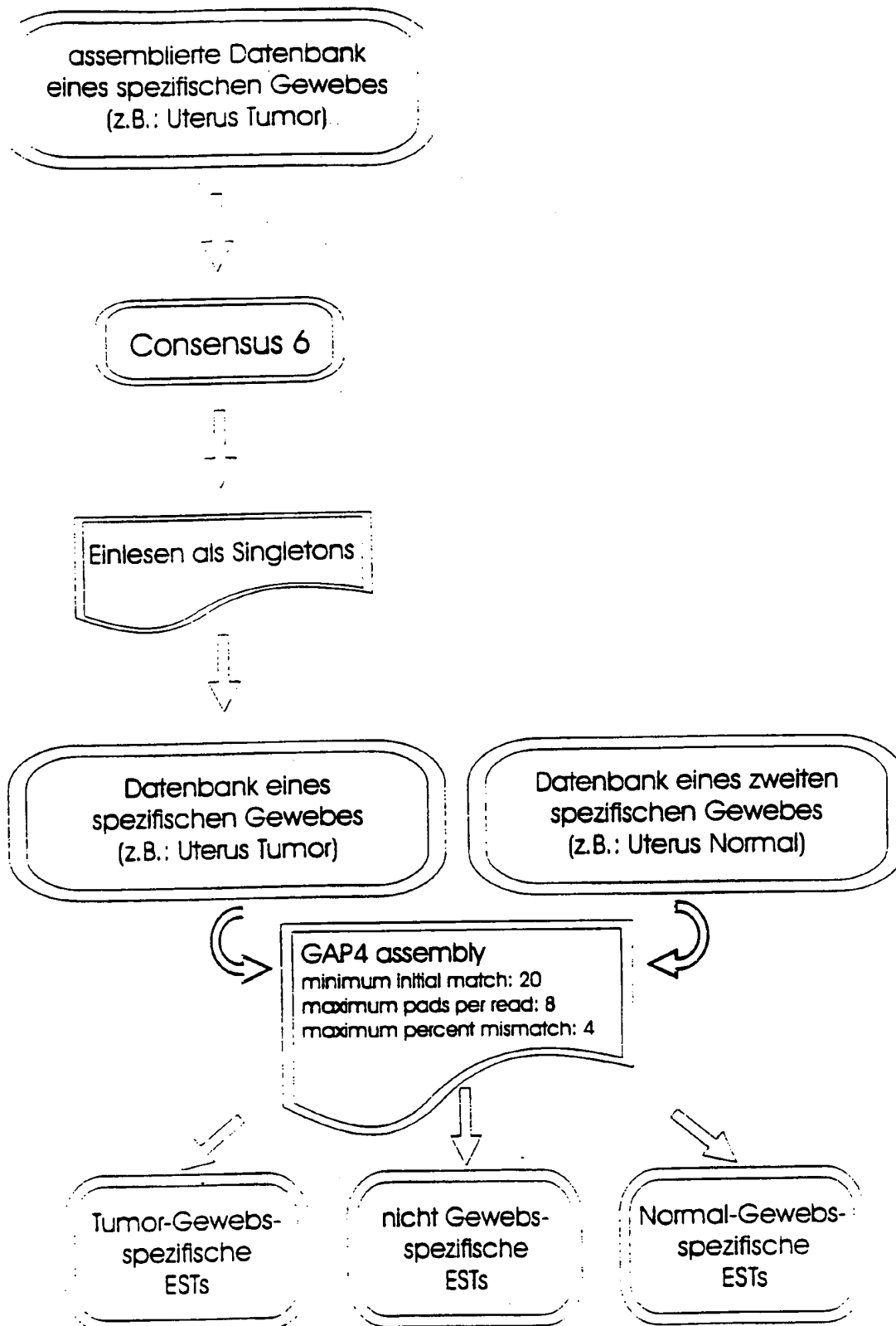


Fig. 2b4

# In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

WO 99/55858

7 / 10

PCT/DE99/01258

~30.000 Konsensussequenzen  
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen  
Krebsgewebe

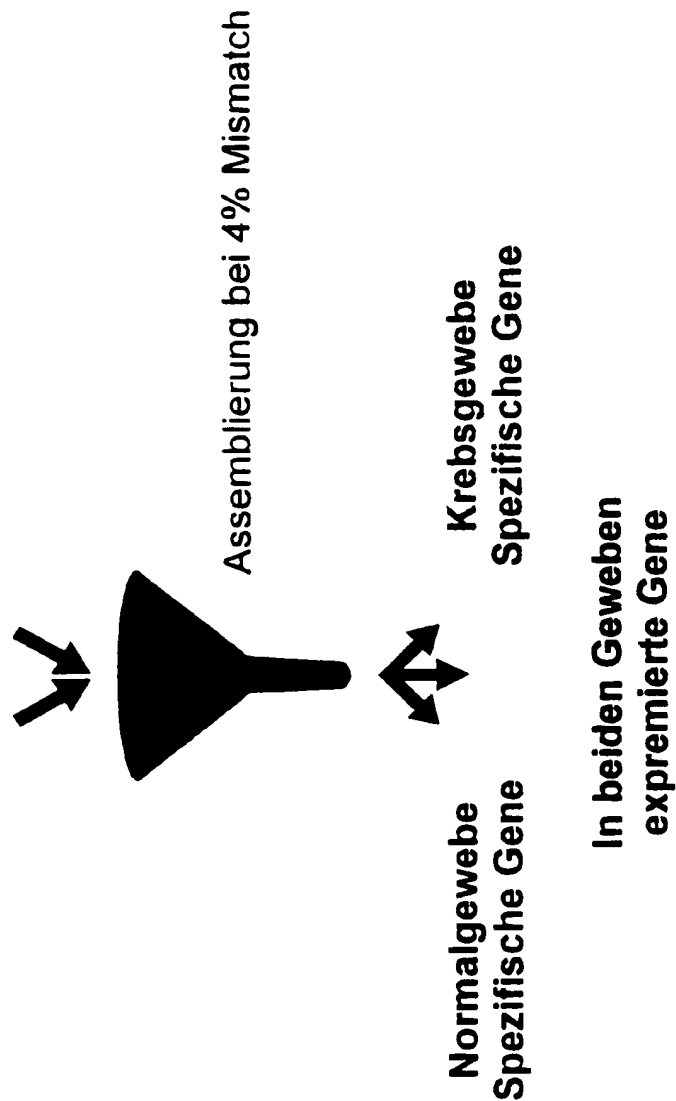


Fig. 3

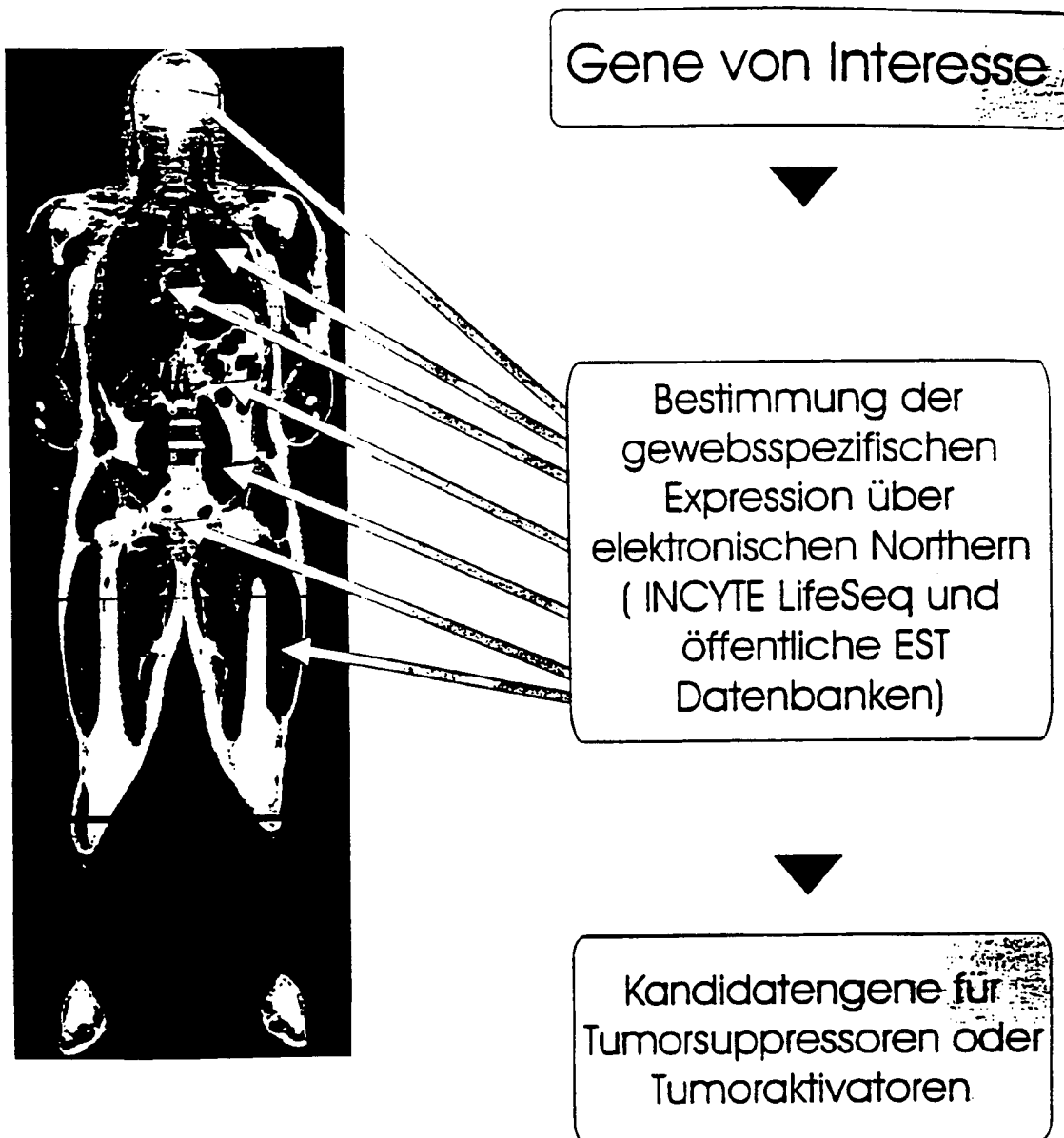


Fig. 4a

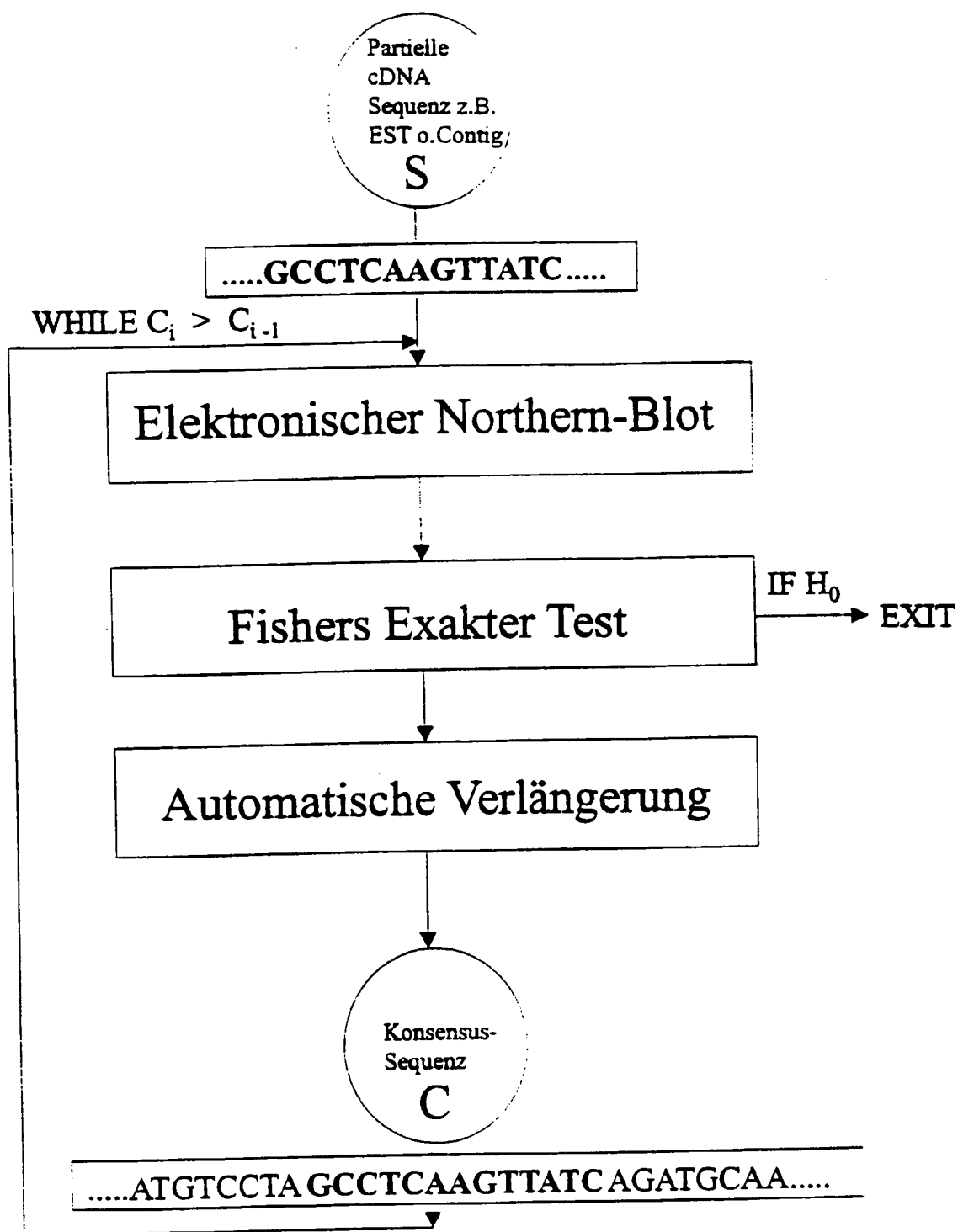


Fig. 4b

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5

**PCT**  
 WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM  
 Internationales Büro  
 INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE  
 INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)



<b>(51) Internationale Patentklassifikation <sup>6</sup> :</b> <b>C12N 15/12, C07K 14/435, C12N 15/63, 15/85, C07K 16/18, A61K 38/17, 48/00</b>	<b>A3</b>	<b>(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/55858</b>  <b>(43) Internationales Veröffentlichungsdatum:</b> 4. November 1999 (04.11.99)
<b>(21) Internationales Aktenzeichen:</b> PCT/DE99/01258  <b>(22) Internationales Anmeldedatum:</b> 19. April 1999 (19.04.99)  <b>(30) Prioritätsdaten:</b> 198 20 190.7      28. April 1998 (28.04.98)      DE  <b>(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US):</b> METAGEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).  <b>(72) Erfinder; und</b> <b>(75) Erfinder/Anmelder (nur für US):</b> SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).	<b>(81) Bestimmungsstaaten:</b> JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).  <b>Veröffentlicht</b> Mit internationalem Recherchenbericht.  <b>(88) Veröffentlichungsdatum des internationalen Recherchenberichts:</b> 15. Juni 2000 (15.06.00)	

**(54) Title:** HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OBTAINED FROM PANCREAS TUMOR TISSUE

**(54) Bezeichnung:** MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS PANKREASTUMORGEWEBE

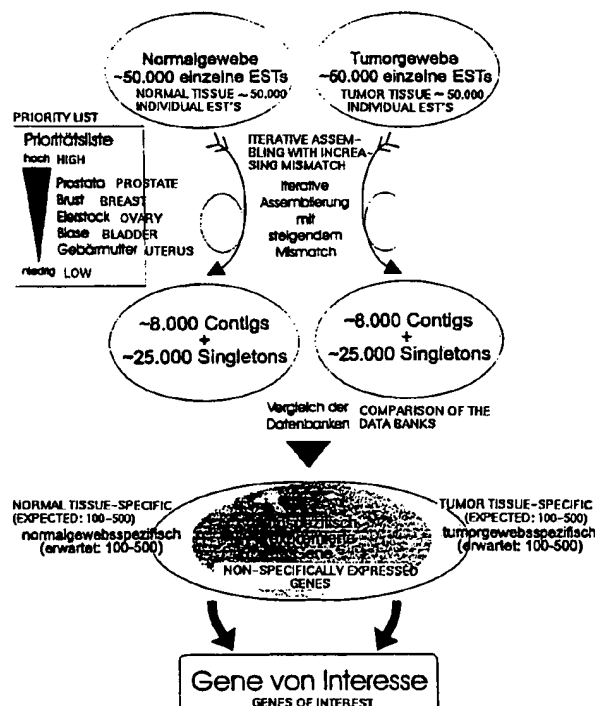
**(57) Abstract**

The invention relates to human nucleic acid sequences mRNA, cDNA, genomic sequences obtained from pancreas tumor tissue which code for the gene products or parts thereof, and to the utilization of said sequences. The invention also relates to polypeptides obtained via the sequences and to the utilization of said polypeptides.

**(57) Zusammenfassung**

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen - mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Pankreastumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

**Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank**  
SYSTEMATIC GENE SEARCH IN THE INCYTE LIFESEQ DATA BANK



# **LEDIGLICH ZUR INFORMATION**

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidshan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Licchtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						



# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/DE 99/01258

## A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC 6 C12N15/12 C07K14/435 C12N15/63 C12N15/85 C07K16/18  
A61K38/17 A61K48/00

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

## B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 6 C12N C07K A61K

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

## C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	EMBL Datenbank, Heidelberg, DE EMHUM2 Eintrag No. AL020991 12. Dezember 1997 BIRD, C.: "Homo sapiens DNA sequence from PAC 884M20 on chromosome Xp11.21" XP002126820 the whole document	1,4-7, 10,23, 24,26,33
X	EMBL Datenbank, Heidelberg, DE EMEST1 Eintrag No. AA554484 11. September 1997 NCI-CGAP: "ni36b01.s1 NCI CGAP Lul Homo sapiens cDNA clone IMAGE:978889" XP002126821 the whole document	1,5-10, 38
	---	
	--- -/--	

☒ Further documents are listed in the continuation of box C.

☒ Patent family members are listed in annex.

### \* Special categories of cited documents :

- \*A\* document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
- \*E\* earlier document but published on or after the international filing date
- \*L\* document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
- \*O\* document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
- \*P\* document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

\*T\* later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

\*X\* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

\*Y\* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.

\*&\* document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

13 January 2000

Date of mailing of the international search report

22. 3. 00

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2  
NL - 2280 HV Rijswijk  
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,  
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Fuchs, U

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/DE 99/01258

## C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	EP 0 679 716 A (MATSUBARA, KENICHI & OKUBO, KOUSAKU) 2 November 1995 (1995-11-02) abstract SEQ ID NO: 6673 page 1877	1,5, 7-10,34, 38
A	--- MÜLLER-PILLASCH, F. ET AL.: "Identification of a new tumor-associated antigen TM4SF5 and its expression in human cancer" GENE, vol. 208, no. 1, 16 February 1998 (1998-02-16), pages 25-30, XP004132007 abstract page 27; figure 1	1-14, 16-24, 26-34, 36-38
A	--- YOKOYAMA, M. ET AL.: "Betacellulin, a member of the epidermal growth factor family, is overexpressed in human pancreatic cancer" INTERNATIONAL JOURNAL OF ONCOLOGY, vol. 7, no. 4, 1 October 1995 (1995-10-01), pages 825-829, XP000670300 page 827; figure 3	1-14, 16-24, 26-34, 36-38
P,X	--- SURINYA, K.H. ET AL.: "Identification and Characterization of a Conserved Erythroid-specific Enhancer Located in Intron 8 of the Human 5-Aminolevulinate Synthase 2 Gene" JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY, vol. 273, no. 27, 3 July 1998 (1998-07-03), pages 16798-16809, XP002126819 abstract page 16798, column 1, line 46 - line 47 page 16801; figure 1 page 16801, column 1, line 9 - line 13 -& EMBL Datenbank, Heidelberg, DE EMHUM1 Eintrag No. AF068624 17. Juni 1998 COX, T.C.: "Homo sapiens 5-aminolevulinate synthase 2 (ALAS2) gene, complete cds" XP002126822 the whole document --- -/--	1,5-7, 10,24

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/DE 99/01258

## C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
T	<p>SCHMITT, A.O. ET AL.: "Exhaustive mining of EST libraries for genes differentially expressed in normal and tumor tissue" NUCLEIC ACIDS RESEARCH, vol. 27, no. 21, 1 November 1999 (1999-11-01), pages 4251-4260, XP002126641 the whole document</p> <p>-----</p>	<p>1-14, 16-24, 26-34, 36-38</p>

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/DE 99/01258

## Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:  
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:
  
2. ☒ Claims Nos.: 15, 25 and 35  
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:  
See Supplemental Sheet Additional Matter PCT/ISA/210
  
3. ☐ Claims Nos.:  
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

## Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:
  
4. ☒ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:

(1-14, 16-24, 26-34 and 36-38) in part

### Remark on Protest

- ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.  
☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

Continuation of Field I.2

Claims Nos. 15, 25 and 35

The relevant Patent Claim No. 15 relates to a DNA fragment which can be obtained according to Claim No. 14 and which comprises a gene. As the patent claim lacks the corresponding support and the patent application lacks the necessary disclosure, no search was conducted for the DNA fragment laid claim to in Claim No. 15.

The relevant Patent Claim No. 25 relates to a polypeptide characterized by a worthwhile peculiarity or quality, i.e. the ability to bind to a polypeptide partial sequence according to Claim No. 23. For this reason, the patent claim comprises all polypeptides which exhibit this peculiarity or quality, whereas the description of the patent application does not provide any support under the terms of PCT Article 5 for such a polypeptide. In the case in question, the patent claim lacks the corresponding support or the patent application lacks the necessary disclosure to such a degree that a meaningful search appears to be impossible to conduct with respect to the scope for which protection is sought. Nevertheless, the patent claim also lacks the clarity required in PCT Article 6, whereby an attempt was made to define the polypeptide in terms of the outcome. This absence of clarity is such that it makes it impossible to conduct a meaningful search with respect to the scope for which protection is sought. For this reason, no search was carried out for the polypeptides laid claim to in Claim No. 25.

The relevant Patent Claim No. 35 relates to an excessively large number of possible products which cannot be supported by the description under the terms of PCT Article 6 and cannot be regarded as being disclosed in the patent application under the terms of PCT Article 5. In the case in question, the patent claim lacks the corresponding support and the patent application lacks the necessary disclosure to such a degree that a meaningful search appears to be impossible to conduct with respect to the scope for which protection is sought. For this reason, no search was carried out for the products laid claim to in Claim No. 35.

The applicant is therefore advised that patent claims or sections of patent claims laid to inventions for which no international search report was drafted normally cannot be the subject of an international preliminary examination (PCT Rule 66.1(e)). Similar to the authority entrusted with the task of carrying out the international preliminary examination, the EPO also does not generally carry out a preliminary examination of subject matter for which no search has been conducted. This is also valid in the case when the patent claims have been amended after receipt of the international search report (PCT Article 19), or in the case when the applicant submits new patent claims pursuant to the procedure in accordance with PCT Chapter II.

## 1. Claims Nos. (1-14, 16-24, 26-34 and 36-38) in part

Nucleic acid sequence relating to SEQ ID NO: 1, an allelic or complementary variant thereof; BAC, PAC and cosmid clone, expression cassette and host cell containing this sequence; applications of said nucleic acid sequence and methods for producing a polypeptide. Antibody directed against a polypeptide or fragment which is coded by the nucleic acid sequence SEQ ID NO: 1; polypeptide partial sequences relating to SEQ ID NOS: 158, 159, 160 (according to Table II) and the applications thereof; medicaments containing at least one polypeptide partial sequence SEQ ID NOS: 158, 159, 160.

## Inventions 2 to 178, Claims Nos. (1-14, 16-24, 26-34 and 36-38) in part

Nucleic acid sequence successively relating to the individual SEQ ID NOS: 2 to 157, 597 to 617, an allelic or complementary variant thereof; BAC, PAC and cosmid clone, expression cassette and host cell containing this sequence; applications of said nucleic acid sequence and methods for producing a polypeptide. Antibody directed against a polypeptide or fragment which is coded by the nucleic acid sequence SEQ ID NOS: 2-157, 597-617; polypeptide partial sequences relating to SEQ ID NOS: 161-596, 618-659 (according to Table II) and the applications thereof; medicaments containing at least one polypeptide partial sequence SEQ ID NOS: 161-596, 618-659.

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No

PCT/DE 99/01258

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)	Publication date
EP 0679716 A	02-11-1995	AU 8116494 A	13-06-1995
		CA 2153480 A	01-06-1995
		WO 9514772 A	01-06-1995
-----			

# INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Intern. Jnales Aktenzeichen

PCT/DE 99/01258

## A. KLASSIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES

IPK 6 C12N15/12 C07K14/435 C12N15/63 C12N15/85 C07K16/18  
A61K38/17 A61K48/00

Nach der Internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

## B. RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchierte Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)

IPK 6 C12N C07K A61K

Recherchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehorende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

## C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	EMBL Datenbank, Heidelberg, DE EMHUM2 Eintrag No. AL020991 12. Dezember 1997 BIRD, C.: "Homo sapiens DNA sequence from PAC 884M20 on chromosome Xp11.21" XP002126820 das ganze Dokument	1,4-7, 10,23, 24,26,33
X	EMBL Datenbank, Heidelberg, DE EMEST1 Eintrag No. AA554484 11. September 1997 NCI-CGAP: "ni36b01.s1 NCI CGAP Lu1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:978889" XP002126821 das ganze Dokument	1,5-10, 38



Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen



Siehe Anhang Patentfamilie

\* Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen :

\*A\* Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist

\*E\* älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist

\*L\* Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)

\*O\* Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht

\*P\* Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist

\*T\* Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist

\*X\* Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden

\*Y\* Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist

\*Z\* Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

Datum des Abschlusses der internationalen Recherche

13. Januar 2000

Absenddatum des internationalen Recherchenberichts

22. 3. 00

Name und Postanschrift der Internationalen Recherchenbehörde

Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentaan 2  
NL - 2280 HV Rijswijk  
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,  
Fax: (+31-70) 340-3016

Bevollmächtigter Bediensteter

Fuchs, U



# INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/01258

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN		
Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	EP 0 679 716 A (MATSUBARA, KENICHI & OKUBO, KOUSAKU) 2. November 1995 (1995-11-02) Zusammenfassung SEQ ID NO: 6673 Seite 1877	1,5, 7-10,34, 38
A	--- MÜLLER-PILLASCH, F. ET AL.: "Identification of a new tumor-associated antigen TM4SF5 and its expression in human cancer" GENE, Bd. 208, Nr. 1, 16. Februar 1998 (1998-02-16), Seiten 25-30, XP004132007 Zusammenfassung Seite 27; Abbildung 1	1-14, 16-24, 26-34, 36-38
A	--- YOKOYAMA, M. ET AL.: "Betacellulin, a member of the epidermal growth factor family, is overexpressed in human pancreatic cancer" INTERNATIONAL JOURNAL OF ONCOLOGY, Bd. 7, Nr. 4, 1. Oktober 1995 (1995-10-01), Seiten 825-829, XP000670300 Seite 827; Abbildung 3	1-14, 16-24, 26-34, 36-38
P,X	--- SURINYA, K.H. ET AL.: "Identification and Characterization of a Conserved Erythroid-specific Enhancer Located in Intron 8 of the Human 5-Aminolevulinate Synthase 2 Gene" JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY, Bd. 273, Nr. 27, 3. Juli 1998 (1998-07-03), Seiten 16798-16809, XP002126819 Zusammenfassung Seite 16798, Spalte 1, Zeile 46 - Zeile 47 Seite 16801; Abbildung 1 Seite 16801, Spalte 1, Zeile 9 - Zeile 13 -& EMBL Datenbank, Heidelberg, DE EMHUM1 Eintrag No. AF068624 17. Juni 1998 COX, T.C.: "Homo sapiens 5-aminolevulinate synthase 2 (ALAS2) gene, complete cds" XP002126822 das ganze Dokument --- -/--	1,5-7, 10,24

# INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/01258

## C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
T	<p>SCHMITT, A.O. ET AL.: "Exhaustive mining of EST libraries for genes differentially expressed in normal and tumor tissue"</p> <p>NUCLEIC ACIDS RESEARCH, Bd. 27, Nr. 21, 1. November 1999 (1999-11-01), Seiten 4251-4260, XP002126641 das ganze Dokument</p> <p>-----</p>	<p>1-14, 16-24, 26-34, 36-38</p>

# INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen  
PCT/DE 99/01258

## Feld I Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)

Gemäß Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:

1. ☐ Ansprüche Nr.  
weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich
2. ☒ Ansprüche Nr. 15, 25 und 35  
weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich  
siehe Zusatzblatt WEITERE ANGABEN PCT/ISA/210
3. ☐ Ansprüche Nr.  
weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefaßt sind.

## Feld II Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:

1. ☐ Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche.
2. ☐ Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchegebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.
3. ☐ Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr.
4. ☒ Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfaßt:  
(1-14, 16-24, 26-34 und 36-38) teilweise

Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs

- ☐ Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt.
- ☐ Die Zahlung zusätzlicher Recherchegebühren erfolgte ohne Widerspruch.

## WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

Fortsetzung von Feld I.2

Ansprüche Nr.: 15, 25 und 35

Der geltende Patentanspruch 15 bezieht sich auf ein gemäss Anspruch 14 erhältliches DNA-Fragment, welches ein Gen umfasst. Da dem Patentanspruch die entsprechende Stütze und der Patentanmeldung die nötige Offenbarung fehlen, wurde keine Recherche für das in Anspruch 15 beanspruchte DNA-Fragment ausgeführt.

Der geltende Patentanspruch 25 bezieht sich auf ein Polypeptid, charakterisiert durch eine erstrebenswerte Eigenheit oder Eigenschaft, nämlich die Fähigkeit, an eine Polypeptid-Teilsequenz gemäss Anspruch 23 zu binden. Der Patentanspruch umfasst daher alle Polypeptide, die diese Eigenheit oder Eigenschaft aufweisen, wohingegen die Patentanmeldung keine Stütze durch die Beschreibung im Sinne von Art. 5 PCT für solch ein Polypeptid liefert. Im vorliegenden Fall fehlt dem Patentanspruch die entsprechende Stütze bzw. der Patentanmeldung die nötige Offenbarung in einem solchen Maße, daß eine sinnvolle Recherche über den erstrebten Schutzbereich unmöglich erscheint. Desungeachtet fehlt dem Patentanspruch auch die in Art. 6 PCT geforderte Klarheit, nachdem in ihm versucht wird, das Polypeptid über das jeweils erstrebte Ergebnis zu definieren. Auch dieser Mangel an Klarheit ist dergestalt, daß er eine sinnvolle Recherche über den erstrebten Schutzbereich unmöglich macht. Daher wurde keine Recherche für die in Anspruch 25 beanspruchten Polypeptide ausgeführt.

Der geltende Patentanspruch 35 bezieht sich auf eine unverhältnismäßig große Zahl möglicher Produkte, welche sich weder im Sinne von Art. 6 PCT auf die Beschreibung stützen und noch im Sinne von Art. 5 PCT als in der Patentanmeldung offenbart gelten können. Im vorliegenden Fall fehlt dem Patentanspruch die entsprechende Stütze und fehlt der Patentanmeldung die nötige Offenbarung in einem solchen Maße, daß eine sinnvolle Recherche über den erstrebten Schutzbereich unmöglich erscheint. Daher wurde keine Recherche für die in Anspruch 35 beanspruchten Produkte ausgeführt.

Der Anmelder wird darauf hingewiesen, daß Patentansprüche, oder Teile von Patentansprüchen, auf Erfindungen, für die kein internationaler Recherchenbericht erstellt wurde, normalerweise nicht Gegenstand einer internationalen vorläufigen Prüfung sein können (Regel 66.1(e) PCT). In seiner Eigenschaft als mit der internationalen vorläufigen Prüfung beauftragte Behörde wird das EPA also in der Regel keine vorläufige Prüfung für Gegenstände durchführen, zu denen keine Recherche vorliegt. Dies gilt auch für den Fall, daß die Patentansprüche nach Erhalt des internationalen Recherchenberichtes geändert wurden (Art. 19 PCT), oder für den Fall, daß der Anmelder im Zuge des Verfahrens gemäß Kapitel II PCT neue Patentansprüche vorlegt.

## WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

## 1. Ansprüche: (1-14, 16-24, 26-34 und 36-38) teilweise

Nukleinsäuresequenz sich beziehend auf SEQ ID NO: 1, eine allelische oder komplementäre Variante davon; BAC, PAC und Cosmid-Klone, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenz enthaltend; Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Antikörper, gerichtet gegen ein Polypeptid oder Fragment, welches von der Nukleinsäuresequenz SEQ ID NO: 1 kodiert wird; Polypeptid-Teilsequenzen sich beziehend auf SEQ ID NOS: 158, 159, 160 (entsprechend Tabelle II) und deren Verwendungen; Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz SEQ ID NOS: 158, 159, 160.

## Erfindungen 2 bis 178, Ansprüche: (1-14, 16-24, 26-34 und 36-38) teilweise

Nukleinsäuresequenz sich sukzessiv beziehend auf die einzelnen SEQ ID NOS: 2 bis 157, 597 bis 617, eine allelische oder komplementäre Variante davon; BAC, PAC und Cosmid-Klone, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenz enthaltend; Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Antikörper, gerichtet gegen ein Polypeptid oder Fragment, welches von der Nukleinsäuresequenz SEQ ID NOS: 2-157, 597-617 kodiert wird; Polypeptid-Teilsequenzen sich beziehend auf SEQ ID NOS: 161-596, 618-659 (entsprechend Tabelle II) und deren Verwendungen; Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz SEQ ID NOS: 161-596, 618-659.

**INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT**  
Angaben zu Veröffentlichungen, die zur selben Patentfamilie gehören

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/01258

Im Recherchenbericht angeführtes Patentdokument	Datum der Veröffentlichung	Mitglied(er) der Patentfamilie	Datum der Veröffentlichung
EP 0679716 A	02-11-1995	AU 8116494 A	13-06-1995
		CA 2153480 A	01-06-1995
		WO 9514772 A	01-06-1995
-----			